```
                    GenCore version 5.1.4_p5_4578
                    Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:            March 11, 2003, 07:22:43 ; Search time 152 Seconds
                                              (without alignments)
                                              14650.296 Million cell updates/sec

Title:             US-10-046-433-39
Perfect score:     3334
Sequence:          1 gcagaagcagccgcgagc.........attaaaaaaaaaaaaaaaa 3334

Scoring table:     IDENTITY_NUC
                   Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:          478924 seqs, 333959956 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:     957848

Post-processing:   Minimum Match 0%
                   Maximum Match 100%

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Database :         Published_Applications_NA:*

                   1: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
                   2: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                   3: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                   4: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                   5: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
                   6: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                   7: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
                   8: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                   9: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                  10: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
                  11: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
                  12: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
                  13: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*
                  14: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

                  Listing first 45 summaries
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Match Length	DB	ID	Description
1	3303.4	99.1	3501	9	US-10-028-072-37	Sequence 37, Appl
2	3303.4	99.1	3501	9	US-10-121-049-37	Sequence 37, Appl
3	3303.4	99.1	3501	9	US-10-123-904-37	Sequence 37, Appl
4	3303.4	99.1	3501	9	US-10-140-470-37	Sequence 37, Appl
5	3303.4	99.1	3501	9	US-10-175-746-37	Sequence 37, Appl
6	3303.4	99.1	3501	9	US-10-176-918-37	Sequence 37, Appl
7	3303.4	99.1	3501	9	US-10-176-921-37	Sequence 37, Appl
8	3303.4	99.1	3501	9	US-10-137-865-37	Sequence 37, Appl
9	3303.4	99.1	3501	9	US-10-140-474-37	Sequence 37, Appl
10	3303.4	99.1	3501	9	US-10-142-431-37	Sequence 37, Appl
11	3303.4	99.1	3501	9	US-10-143-114-37	Sequence 37, Appl
12	3303.4	99.1	3501	9	US-10-140-002-37	Sequence 37, Appl
13	551	16.5	625	9	US-09-925-299-209	Sequence 209, App?
14	551	16.5	625	10	US-09-925-299-209	Sequence 209, Ap?
15	537.6	16.1	1737	9	US-10-002-050-19	Sequence 19, Appl
16	537.6	16.1	1737	9	US-10-002-304-19	Sequence 19, Appl
17	537.6	16.1	1737	12	US-10-003-152-19	Sequence 19, Appl
18	424.4	12.7	426	9	US-09-736-457-913	Sequence 913, App
19	424.4	12.7	426	9	US-09-902-941-913	Sequence 913, App
20	424.4	12.7	426	9	US-09-849-626-913	Sequence 913, App
21	419.8	12.6	1508	9	US-10-002-050-9	Sequence 9, Appli
22	419.8	12.6	1508	9	US-10-002-304-9	Sequence 9, Appli
23	419.8	12.6	1508	12	US-10-003-152-9	Sequence 9, Appli
24	364	10.9	400	10	US-09-998-599-2567	Sequence 2567, Ap
25	284.4	8.5	466	10	US-09-815-343-754	Sequence 754, App
26	282.4	8.5	306	10	US-09-969-708-595	Sequence 595, App
27	263.4	7.9	265	9	US-09-736-457-864	Sequence 864, App
28	263.4	7.9	265	9	US-09-902-941-864	Sequence 864, App
29	263.4	7.9	265	9	US-09-849-626-864	Sequence 864, App
30	189.6	5.7	231	10	US-10-076-622-45	Sequence 45, Appl
31	189.6	5.7	231	10	US-09-604-287A-45	Sequence 45, Appl
32	189.6	5.7	231	10	US-09-339-338-45	Sequence 45, Appl
33	189.6	5.7	231	12	US-10-007-805-45	Sequence 45, Appl
34	130.8	3.9	160	9	US-10-076-622-44	Sequence 44, Appl
35	130.8	3.9	160	10	US-09-604-287A-44	Sequence 44, Appl
36	130.8	3.9	160	10	US-09-339-338-44	Sequence 44, Appl
37	130.8	3.9	160	12	US-10-007-805-44	Sequence 44, Appl
38	118.8	3.6	333	10	US-09-783-590-3589	Sequence 3589, Ap
39	110.8	3.3	432	10	US-09-960-352-5091	Sequence 5091, App
40	98.6	3.0	192	9	US-10-092-750-108	Sequence 108, App
41	92.8	2.8	96	9	US-10-092-750-189	Sequence 189, App
42	89	2.7	244	10	US-09-864-761-22945	Sequence 22945, A
43	76.6	2.3	371	10	US-09-864-761-6225	Sequence 6225, Ap
44	71.4	2.1	196	10	US-09-864-761-30975	Sequence 30975, A
45	71.4	2.1	457	10	US-09-864-761-14419	Sequence 14419, A

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-028-072-37
Sequence 37, Application US/10028072
Publication No. US20030004311A1

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Baker, Kevin P.
APPLICANT: Beresini, Maureen
APPLICANT: DeForge, Laura
APPLICANT: Desnoyers, Luc
APPLICANT: Filvaroff, Ellen
APPLICANT: Gao, Wei-Qiang
APPLICANT: Gerritsen, Mary E.
APPLICANT: Goddard, Audrey
APPLICANT: Godowski, Paul J.
APPLICANT: Gurney, Austin L.
APPLICANT: Sherwood, Steven
APPLICANT: Smith, Victoria
APPLICANT: Stewart, Timothy A.
APPLICANT: Tumas, Daniel
APPLICANT: Watanabe, Colin K
APPLICANT: Wood, William
APPLICANT: Zhang

TITLE OF INVENTION:
FILE REFERENCE:
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/028,072
CURRENT FILING DATE: 2001-12-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/049911
PRIOR FILING DATE: 1997-06-18
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/056974
PRIOR FILING DATE: 1997-08-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059113
PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059115
PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059117
PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059122
PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059184
PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059263
PRIOR FILING DATE: 1997-09-18

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059352
PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059588
PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059836
PRIOR FILING DATE: 1997-09-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062250
PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062285
PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062287
PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062814
PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062816
PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063045
PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063082
PRIOR FILING DATE: 1997-10-31
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063127
PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063327
PRIOR FILING DATE: 1997-10-27
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063329
PRIOR FILING DATE: 1997-10-27
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063550
PRIOR FILING DATE: 1997-10-28
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063561
PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063704
PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063733
PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063735
PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063738
PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063755
PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/064248
PRIOR FILING DATE: 1997-11-03
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/064809
PRIOR FILING DATE: 1997-11-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065186
PRIOR FILING DATE: 1997-11-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065846
PRIOR FILING DATE: 1997-11-12
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066364
PRIOR FILING DATE: 1997-11-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066453
PRIOR FILING DATE: 1997-11-21
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066511
PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066770
PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069212
PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069278
PRIOR FILING DATE: 1997-12-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069334
PRIOR FILING DATE: 1997-12-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069694
PRIOR FILING DATE: 1997-12-16
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/072320
PRIOR FILING DATE: 1997-12-16
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/073612
PRIOR FILING DATE: 1998-01-23
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/074086
PRIOR FILING DATE: 1998-02-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/074092
PRIOR FILING DATE: 1998-02-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/077791
PRIOR FILING DATE: 1998-02-09

PRIOR FILING DATE: 1998-03-12
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/078910
PRIOR FILING DATE: 1998-03-20
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079294
PRIOR FILING DATE: 1998-03-25
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079663
PRIOR FILING DATE: 1998-02-27
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079728
PRIOR FILING DATE: 1998-03-27
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/080165
PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081203
PRIOR FILING DATE: 1998-04-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081229
PRIOR FILING DATE: 1998-04-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081695
PRIOR FILING DATE: 1998-04-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081817
PRIOR FILING DATE: 1998-04-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081818
PRIOR FILING DATE: 1998-04-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/082999
PRIOR FILING DATE: 1998-04-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/083322
PRIOR FILING DATE: 1998-04-28
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/083545
PRIOR FILING DATE: 1998-04-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084600
PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084627
PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084637
PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085149
PRIOR FILING DATE: 1998-05-12
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085323
PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085338
PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085339
PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085579
PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085697
PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085704
PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/086414
PRIOR FILING DATE: 1998-05-22
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/086430
PRIOR FILING DATE: 1998-05-22
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/087106
PRIOR FILING DATE: 1998-05-28
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088026
PRIOR FILING DATE: 1998-06-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088730
PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088741
PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088810
PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088858
PRIOR FILING DATE: 19/98-06-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089532
PRIOR FILING DATE: 1998-06-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089599
PRIOR FILING DATE: 1998-06-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089907
PRIOR FILING DATE: 1998-06-18
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089947
PRIOR FILING DATE: 1998-06-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090349
PRIOR FILING DATE: 1998-06-23

```
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090429
PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090445
PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090538
PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090863
PRIOR FILING DATE: 1998-06-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091360
PRIOR FILING DATE: 1998-07-01
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091519
PRIOR FILING DATE: 1998-07-02
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091982
PRIOR FILING DATE: 1998-07-07

Query Match    99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
Best Local Similarity 99.6%;  Pred. No. 0;  Mismatches 13;  Indels 1;  Gaps 1;
Matches 3321;  Conservative 0;  Mismatches 13;

Qy    1 GCAGAAGCAGCAGGCGCAGCGCAGCCACCTGAGCCGCTCACTCAGGACAACCGCTATG  60
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   76 GCAGAAGCAGCAGCGCGCAGCGCAGCCACCTGAGCCGCTCACTCAGGACAACCGCTATG 135

Qy   61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAGAAACTGAGAGGCGC 120
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAGAAACTGAGAGGCGC 195

Qy  121 ATAACCCCGCGTGTGGCGGTGCGTGCTGACCCCAGGGA 180
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  196 ATAACCCCGGCTGTGGCGGTGCGTGCTGACCCCAGGGA 255

Qy  181 ACGGGACCGGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGGGTGT 240
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  256 ACGGGACCGGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGGCGTGT 315

Qy  241 GACAGCACGGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGCGTGCCAATACCCCGGGGCTGTGTCCACCAGC 300
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  316 GACAGCACGGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGCATACCCCGGGGCCTGTGTCCACCAGC 375

Qy  301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTGTCCTTCTCTCCGTCAACGCCCGGGGAGTTTCTG 360
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCTCCTTCTCTCCGTCAACGCCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy  361 GATATGAAGGAGACCAGTCATGTAAGCCATGGGCCTGAGGGGCGCGCCTACTCCCTCGGCACAGC 420
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  436 GATATGAAGGAGACCAGTCATGTAAGCCATGGGCCTGAGGGGCGCGCCTACTCCCTCGGCACAGC 495

Qy  421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCATTGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCATTGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy  481 GAGCTCGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACGTGTACTTCGTCCAAGTGGGGTTCCC 540
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACGTGTACTTCGTCCAAGTGGGGTTCCC 615

Qy  541 CGGGGCGGACTACATCGCCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTGTACGCCGTC 600
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  616 CGGGGCGGACTACATCGCCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTGTACGCCGTC 675

Qy  601 AACCTGGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATAATACTACTTATCCAGACTCCACCATCATC 660
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATAATACTACTTATCCAGACTCCACCATCATC 735

Qy  661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGGTGGATG 720
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGGTGGATG 795

Qy  721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATGTC 780
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATGTC 855

Qy  781 CTCTATTGGGAGACCACCAGCCTTCTCAGTATGGGACCCAAAAGTACCCAAAGCCTGTGCTGGTG 840
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  856 CTCTATTGGGAGACCACCAGCCTTCTCAGTATGGGACCCAAAAGTACCCAAAGCCTGTGCTGGTG 915

Db  856 CTCTATTGGGAGACCACCAGCCTTCTCAGTATGGGACCCAAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGC 915

Qy  841 AGAAACAATTGCCAATAACAGAGGGGTGGGCGCTAACTTCAGAATGGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  916 AGAAACAATTGCCAATAACAGAGGGGTGGGCGCTAACTTCAGAATGGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy  901 ACGTATGCAGACAAGCAAGCAGGGCTCCTCTTCTTCTTCGGCAAACTTTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA 960
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  976 ACGTATGCAGACAAGCAAGCAGGGCTCCTCTTCTTCTTCGGCAAACTTTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA 1035

Qy  961 AATAAAAGGAGGAAGAACTTTCTTGCCACCAGTAGTGTGACCCTGACAAATGCTCAGAGAGAAGGATCT 1020
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1036 AATAAAGGAGGAAGAACTTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGAATCT 1095

Qy 1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTTCTACACACACACGGGCC 1080
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTTCTACACACACACGGGCC 1155

Qy 1081 TCGGATGCCAACGGAGGAGACAACAACTCATGTAACTACAAAATGGGCCAAGCCGAAAAATCTGTAGC 1140
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1156 TCGGATGCCAACGGAGGAGACAACAACTCATGTAACTACAAAATGGGCCAAGCCGAAAAATCTGTAGC 1215

Qy 1141 GAGGACCTTGAGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGAGACCACTGCCCCACCC 1200
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1216 GAGGACCTTGAGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGAGACCACTGCCCCACCC 1275

Qy 1201 TGCAACCCAGGCTGTTCTTCAAAAACCAACACAACAGCAACAGACACCGCCTGCCCATATGGGTTCC 1260
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1276 TGCAACCCAGGCTGTTCTTCAAAAACCAACAACAGCAACAGACACCGCCTGCCCATATGGGTTCC 1335

Qy 1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCCGCTCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGGATTT 1320
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCCGCTCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGGATTT 1395

Qy 1321 GAATACAAATGGTGGAACAACGCTGCCCACAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGGATC 1380
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1396 GAATACAAATGGTGGAACAACGCTGCCCACAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGGATC 1455

Qy 1381 AACTTCGAGTTACAAGGGCATGACTCCTGGTCTTGGTGTGCCAGGGATTTAGACCT 1440
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1456 AACTTCGAGTTACAAGGGCATGACTCCTGGTCTTGGTGTGCCAGGGATTTAGACCT 1515

Qy 1441 GCTGGAGCCCTCAGACAATGACTTCATGATTCACGTCTTGGTTGTTGCCAGGAGTTAGACCT 1500
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1516 GCTGGAGCCCTCAGACAATGACTTCATGATTCACGTCTTGGTTGTTGCCAGGAGTTAGACCT 1575

Qy 1501 CCGCAGTCGGGTGATGGCGAGACACAGAGAAATAAAGAGGTGCCCAGAATCACAATTGTCTTT 1560
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1576 CCCCAGTCGGGTGATGGCGAGACACAGAGAATAAAGAGGTGCCCAGAATCACAATTGTCTTT 1635

Qy 1561 GAGACCCTCTGTTCTGTTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGGTGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1636 GAGACCCTCTGTTCTGTTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGGTGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy 1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGAGAAAAGGTTTCCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGAGAAAAGGTTTCCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy 1681 GAGGAGAACACTACCACGACGCTTCACCTGGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1756 GAGGAGAACACTACCACGACGCTTCACCTGGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy 1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGACTACTCCATCAAGTGTCACCAAATGTTATG 1800
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTCCATCAAATGTCACCAAAGTTATG 1875

Qy 1801 AATGGCGGTGGCCTCCTTACTGCCGTGCCCTAGAAGCCTCTCATGTTGTGGGCTCC 1860
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1876 AATGGCGGTGGCCTCCTTACTGCCGTCCCTAGAAGCCTCTCATGTTGGGCTCCTGC 1935

Qy 1861 TGCACCTTCTTGTTCCTGCTTGTTTACTATATTGACCGAGATTCAGGACCCTGC 1920
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1936 TGCACCTTCTTGTTCCTGCTGGTTTACTATATTGACCGAGATTCAGGACCCTGC 1995
```

```
Qy   1921 CCCCCTAACACAANTTCTGAAAGCCCACCAGGCCTTATGGTGTGCCCTGT 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACANATTCTGAAAGCCCACCAGGCCTTATGGTGTGCCCTGT 1980
Qy   1981 GGTCCCAGGGACCAAGAACACAAGATCCACTCTCTGTGTTGCACCTCTCA 2040
Db   2056 GGTCCCAGGGACCAAGAACACAAGATCCACTCTCTGTGTTGCACCTCTCA 2055
Qy   2041 CGCAACAACTCCAACCAGGACTTTCAAACTACACTTCTCCGCGTTGGCAAACAGCGTCACT 2100
Db   2116 CGCACACTCCAACCAGGACTTTCAAACTACACTTCTCCGCGTTGGCAAACAGCGTCACT 2115
Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCACTTACCCTC 2160
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCACTTACCCTC 2175
Qy   2161 AGTCTCTGTGTGGAAAACCAGGGTTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACACAATGTTACCCTC 2220
Db   2236 AGTCTCTGTGTGGAAAACCAGGGTTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACACAATGTTACCCTC 2235
Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACCTGCCAGGCA 2280
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACCTGCCAGGCA 2295
Qy   2281 GTCATCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGCCTACAAGGCCGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
Db   2356 GTCATCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGCCTACAAGGCCGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2355
Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAAACAGATAATGACTCTCCCCA 2400
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAAACAGATAATGACTCTCCCCA 2415
Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTTCTTTTTATAGGTCC 2460
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTTCTTTTTATAGGTCC 2475
Qy   2461 AANTGANGTGACCCAGTCGTTCTGCAGTTCTTGGGAGATCAACACCACCATCCGGCTCAGGTGCAGT 2520
Db   2536 AANTGANGTGACCCAGTCGTTCTGCAGTTCTTGGGAGATCAACACCACCATCCGGCTCAGGTGCAGT 2535
Qy   2521 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTCGTTGCTGTCTCAGATGGAGACCTGT 2580
Db   2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTCGTTGCTGTCTCAGATGGAGACCTGT 2595
Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGGCGGCTGCTTGCCGGCTCTGCTCAGTG 2640
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGGCGGCTGCTTGCCGGCTCTGCTCAGTG 2655
Qy   2641 GCTGACTACCATCGTCAGCACCTGTGTGGGCTGGGATCCAGAAAGACTACTTACGTG 2700
Db   2716 GCTGACTACCATCGTCTATCGTCGCAGCACCTGTGTGGGCTGGGATCCAGAAAGACTACTTACGTG 2715
Qy   2701 TGGCGGAGAACCCAAGCTATGTCTCTGGTGGGCATTTCTCTGCCTAGCAGAGAGTCACCATC 2760
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGTCTCTGGTGGGCATTTCTCTGCCTAGCAGAGAGTCACCATC 2775
Qy   2761 TGCAAAACCAATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCAATCTCTGCCACCTGTACTGCCATC 2820
Db   2836 TGCAAAACCAATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCAATCTCTGCCACCTGTACTGCCATC 2835
Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGRATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGRATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2895
Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAAATGCTACTCTCAAGGACACTGTGACCTGCCAGCTGACAGCTGC 2940
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAAATGCTACTCTCAAGGACACTGTGACCTGCCAGCTGACAGCTGC 2955
Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075
```

```
Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
Matches 3321;  Conservative 0;  Mismatches 13;  Indels 1;  Gaps 1;

Qy    1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCGTGAGCCGCTCACTCAGGACAACGGCTATG 60
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCGTGAGCCGCTCACTCAGGACAACGGCTATG 135

Qy   61 GCTGAGCCTGGGCACAGCGCCACCATCTCCGCCGCAGAGTCAGGGGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 120
```

```
Db   136 GCTGGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGGCC 195

Qy   121 ATACCCCGCGTGTGGGGCTGCTCTGGGGCTGGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196 ATACCCCGCGTTGTGGGGCTGCTCTGGGGCTGGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy   181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCGGCCTGCAAAGAGTCTGAGTGAGTACACGGCGGTGT 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTGAGTACACGGCGGTGT 315

Qy   241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGGGCTGGGCCTGTTGCCACCAGC 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   316 GACACACGGGTTCCAGGTGGAGGGTTCGCCGGGCCTGTTGCCACCAGC 375

Qy   301 CTTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGGAGCGGCTGAGTGCGGCTGGGGCTGGGGTGT 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376 CTTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGGACGTGCTCCTTGCCGCGCCTTCTCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy   361 GATATGAAAGAGACCAGTCATGTAAGGTAAGCCATATGCCGTAGCGGGCGCAGGC 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436 GATATGAAAGGACCAGTCATGTAAGCCATATGCCGCTACTCCCCTTCGGGCACAGGC 495

Qy   421 ATTGCGGTTTGATGATGGGATGAGCTGCCCCATTTGCCCCATGCTTCAGCCAAACATG 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCATTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy   481 GAGCTGGATGAGTGGCACCGGTTCACCACGGGGAACTGTACTGTACTTGTGCAAGTGGGTTCC 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GACTGGATGAGTGGCACCGGTTAACTTCGGAATACTACTATCCGAGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy   541 CGGGGGCGACTACATCACCGCCTTCAACACGGACGAGAATGCACACACCGCCGTC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   616 CGGGGGCGACTACATCGCCTCCCACACGGACGAATGCACACCCTGATGTGTACGCGCGTC 675

Qy   601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCGAGTCCAGCATCATC 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCGAGTCCAGCATCATC 735

Qy   661 TTTGAGTTTTGTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   736 TTTGAGTTTTGTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy   721 AAGACCACAGAGAAAGGAATGGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAAATGCAGCAATAATGTC 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAAATGCGGCAATAATGTC 855

Qy   781 CTCTATTGGAGAACCAACAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   856 CTCTATTGGAGAACCAGCCTTCTCAGTATGAGTGTCCCCTGCAAACCTGGGC 915

Qy   841 AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGGCTGGCTACACTTCAGAGATTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   916 ACGTATTGCACAGCAAGCAGGGCTCCCTCTTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA 975

Qy   901 ACGTATTGCACAGCAAGCAGGGGCTTCCCTCTTTTCTGCAAACTTTGCCAGCCAACTCTTATTCA 960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   976 AGAAACATTGCCATAACAGGGTGGGCTACACTTCAGAGAAGAGGATCT 1035

Qy   961 AATAAAGGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACCAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1036 CTTTGCTGGAGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 1095

Qy  1021 TCTTCCTTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGGC 1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1096 TCTTCCTTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy  1081 TGGGATGCCAACGGAGAGCACACAACTCAATGTACAAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTTGTAGC 1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1156 TGGGATGCCAACGGAGAGCACACAACTCATGTACAAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTTAGC 1215

Qy  1141 GAGGGACCTTGAGGGGGCGAGTGAAGCTGCCTCTGTGTGTGAAGACCCCACTGCCCACCC 1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  1216 GAGGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTCTGCCTGCCAGCCCATATGGTTCC 1275

Qy  1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAGCACCAGCAACAACACCTGCCAGCCCATATGGTTCC 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1276 TGCAACCCAGGCTTTCTTCAAAACCAACACCAGCAGCAACAACACCTGCCAGCCCATATGGTTCC 1335

Qy  1261 TACTCCAAATGGCTCAGACTGTACCCGTGTCCCTGCCCTGCCAGGGAGGGACTGAACCTGCTGTGGGGATTT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1336 TACTCCAAATGGCTCAGACTGTACCCGTGTCCCTGCCCTGCCAGGGAGGGACTGAACCTGCTGTGGGGATTT 1395

Qy  1321 GAATACAAAATGGTGGAACACAGCTGCCACAGAAACGACCCGTTCAGTGGGGATC 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1396 GAATACAAAATGGTGGAACACAGCTGCCACAGAAACGCATTGAAAAGACCCGTTCTCAGTGGGGATC 1455

Qy  1381 AACTTCGAGTACAAAGGCCATGACAGGGCTGGGAGGTGCTGGGTGGTGGTCATGAGGTGGTGGGATCGGGTATC 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1456 AACTTCGAGTACAAAGGCCATGACAGGGCTGGGAGGTGCTGGGTGGTTAGGATCTGGGATCGTGTACAGCT 1515

Qy  1441 GCTGGAGGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTCTGGTTGTTGCCAGGATTGTCTTT 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTCTGGTTGTTGCCAGGATTTAGACT 1575

Qy  1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGAACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGAACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy  1561 GAGACCCTCTTGTTCTTGTTGAGACTGTGAGCTGTCACTCAAATGGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1636 GAGACCCTCTTGTTTCTTGTGAACTGTGAGCTCATTGGGTGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy  1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTAGTTCCATCACAATCATT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1696 AACACTCCTGTGGAGACGTTGGAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTAGTTCCATCAATTGTATG 1755

Qy  1681 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTCATGAGGCA 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1756 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTCTCATGAGAGGCA 1815

Qy  1741 AGCAGGAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1816 AGCAGGAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy  1801 AATGGCGTGGGCCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCCGTTGAGTGGGCGTCCTCC 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1876 AATGGCGTGGGCCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCCGTTGAGTGGGGCGTCCTCC 1935

Qy  1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGGACCGAGATTCAGGAGGCCACTCCTGC 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGGACCGAGATTCAGGAGAACCTGCCCACTCCTGC 1995

Qy  1921 CCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1996 CCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy  1981 GGTCCAGGGACCACCAAGAACAACAGAATCCACTCTCTGTGTCGTCCTACAAGACCTCTCA 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAACAAGAATCCACTCTCTGTGTCCTACAAGACCTCTCA 2115

Qy  2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCACTTCACACAGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCACTTCACACAGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2175

Qy  2101 CTTGCTGGAGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2176 CTTGCTGGAGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy  2161 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGAGAATGTCACTGACCTC 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2236 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy  2221 CGGAATTCCTGAGGGTGAGTGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCC 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355
```

Query Match   99.1%;
Best Local Similarity   99.6%;
Matches 3321; Conservative   0; Mismatches 13; Indels 1; Gaps 1;

Score 3303.4; Pred. No. 0; DB 9; Length 3501;

```
Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCGCCAGCAGCACCTGAGCCGCTACTCCCGGCTCACTCAGGACAACGGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCGCCAGCAGCACCTGAGCCGCTACTCCCGGCTCACTCAGGACAACGGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCCACAGCCACCACCATCTCTCCGCCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCCACAGCCACCACCATCTCTCCGCCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGGCTGGTGCTTCCAGCTGGGACCGCCGTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGGCTGGTGCTTCCAGCTGGGACCGCCGTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGGCTTCACGCCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGGTGT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGGCTTCACGCCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGGTTCCAGGTGGAGGGTGCCGTGCCGGATACCCCGGGCCGTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGGTTCCAGGTGGAGGGTGCCGTGCCGGATACCCCGGGCCGTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCCTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTTGCAACGGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTTGCAACGGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGAGCCAGTCATGTAAGCCCATGGCCTGAGGGCCGCGTACTCCCTCGGCCACAGGC 420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGAGCCAGTCATGTAAGCCCATGGCCTGAGGGCCGCGTACTCCCTCGGCCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGGCCAACATG 480
```

```
Qy   2281 GTCATCATCCCCCAGAGAGGTGACAGGCTACAGAGCCGGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCAGAGAGGTGACAGGCTACAGAGCCGGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGACGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGACGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCCGGTCAGGTGCAGT 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCCGGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAGCAGTGCTCAGGTGGACCTGT 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAGCAGTGCTCAGGTGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGGCGGCGTGGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGGCGGCGTGGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGAGCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCCATTCATTTCTTCTCTGCCTGAGCAGAGTCACCATC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCCATTCATTTCTTCTCTGCCTGAGCAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAAACCATAGATTTCTGGGCTGAAAGTGGGCCATCTCTGCAGGCACCTGTACTCCATC 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAAACCATAGATTTCTGGGCTGAAAGTGGGCCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGAACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGAACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGAGTAGAGACGAGACCTCACTCTTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGAGTAGAGACGAGACCTCACTCTTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGAATCAAATCATTTACCTTCAAGAGAGACTCCTGTCGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGAATCAAATCATTTACCTTCAAGAGAGACTCCTGTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGCCCAGACAGACATGGGACACTGCCTGCCTCACCT 3119
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGCCCAGACAGACATGGGACACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGGGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGGGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGGTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGGTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCAAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCAAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          |||||||||||||| ||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTTAAATTAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

```
Db   496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGTGGGTTCCC         555
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAGGAACTGTACTTGCCAGTGGGTTCCC   540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GAGCTGGATGACAGTGCCTGCTGAGTCCACCGGGAGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC  615
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   541 CGGGGGCGGACTACATCGGCCCTTCAAACACGGACCACACTGATTGTACGCCGTC        600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   616 CGGGGCGGACTACATCGGCCTTCCAAACACGGACCAAATGCACACCACACTGATTGTACGCCGTC  675
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   601 AACCTGAAGCAAATCTGGCCACCGTTAACTTCTGAAATACTACTTCCAGCCATCATC      660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   676 AACCTGAAGCAATCTGCCACCGTTAACTTCGAATACTACTTCGAACTCCAGCCATCATC    735
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG   720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG   795
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   721 AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAAGTTCCACAGCTGAGCTGAAATCGGAGCGAATAATGTC  780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   796 AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAATTCCACAGCTGTGGAGCTAAATCGGAGCGAATAATGTC 855
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   781 CTCTATTGGAGAAACCACAGCCTTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAAGCCGTGTGCTGGTG  840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   856 CTCTATTGGACAAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAAGCCTGTGCTGGTG  915
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   841 AGAAACATTGCCATAACAGGCTCTCCTTTCTGCAAACTTGGCC         900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   916 AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC   975
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   901 ACGTATGCAGACGCAAGCAGGGCTCCTTCTTTCTGCAAACTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA  960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGGTTCCTTCTTTCTGCAAACTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1021 TCTTCCTCGTAACGTGCGCGCCCAGCTTTGCACGACAGAAACAGATTATTTCTACACACACGGCC  1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1036 AATAAAGGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACCAATTGGCCAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1081 TGCGATGGCCAACGGAGAGACAACTCAATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC  1140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGTGTTGCACGACAGAAACAGATTATTTCTACACACACGGCC 1155
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTCGGCTGCCCACTGCCCACCC          1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACAACTCAATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTCGGCTGCCCACTGCCCACCC         1275
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1261 TACTCCAATGGGCTTCAGACTGTACCCGCCTGCAAGCCTGCTGTGGGATTT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1321 GAATACAAATGGTGGAACAGCGCTGCCCACAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1336 TACTCCAATGGCTTCAGACTGTACCCGCCTGCAAGCCTGCTGTGGGATTT 1395
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1381 AACTTCGACTACAAGGGCATGACAGGGCTGGTGGGAGGTGGCCTCGGTGATCACATTTACACAGCT  1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1441 GCTGGAGGCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCGGGATTTAGACCT 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1456 AACTTCGACTACAAGGGCATGACAGGGCTGGTGGGAGGTGGCCTCGGTGATCACATTTACACAGCT 1515
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1501 CCGCAGTCGGTGTGATGGCGACACAGAGAATAAAAGAGGTGGCCAGAGAATCACATTTGTCTTT 1560
         ||||||||||||||||||||||
Db  1516 GCTGGAGGCCTCAGACAATGACTTCAGTGATTCTCACTCGTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Db  1576 CCGCAGTCGGTGATGGCGACACAGAGAATAAAAGAGGTGGCCAGAGAATCACATTTGTCTTT 1635
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1561 GAGACCCTTCTGTTCTGTTGTGCAGACTCTGAGCTCTACTTCAGTGGTGGGTGTGGAATTCTAGGACC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1636 GAGACCCTTCTGTTCTGTTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCAATGGTGTGGAATTCTAGGACC 1695
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGGAAAGGTTCCAAAGGGCAAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGGAAAGGTTCCAAAGGGCAAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1681 GAGGAGAAACTACCACGAGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACACTTTTCATGAGGCA 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1756 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACACTTTTCATGAGGCA 1815
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1741 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTTACTCTCCATCAATGTCACCAAATGTTATG 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1816 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTTACTCTCCATCAATGTCACCAAATGTTATG 1875
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1801 AATGGGCGTGGGCCTCCTCTACTGCCGTCCCTGTGCCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCCTCC 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1876 AATGGGCGTGGGCCTCCTCTACTGCCGTCCCTGTGCCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCCTCC 1935
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1861 TGCACCTTGTTGTCTGTGGTTTACTATATTGACCGGAGAGATTCAGGAAACCTTCAGGTGGGTCC 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1936 TGCACCTTGTTGTCTGTGGTTTACTATATTGACCGGAGAGATTCAGGAAACCTTCAGGTGGGTCC 1995
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1921 CCCCCTAACCACAATTCTCAAAAGGCCCACCACCAGCCGCCTTATGGGTGGTGGCCAGGCCGTGTCCCTGT 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1996 CCCCCTAACACAATTCTCAAAAGGCCCACCACCAGCCTTATGGGTTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1981 GGTCCAGGGACCAAGAGACAAGAACAAGATCCACTCTCTGTGTGCACGGACAATGTCACTGACCTC 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2056 GGTCCAGGGACCAAGAGACAAGAACAAGATCCACTCTCTGTGTGCACGGACAATGTCACTGACCTC 2115
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2041 CGCAACACTCCAACCACCAGGAGACTTTCAAACTCACACTCTCGCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2116 CGCAACACTCCAACCACCAGGACTTTTCAAACTACAAACTTCTCCGGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2175
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2101 CTTGCTGTCTGGAGGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGTGTCTGTGTGCACCGACCAATGTCACTGACCTC 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2176 CTTGCTGCTGGAGGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGTGTGAAATTACTTCACTTTTACCCTC 2235
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2161 AGTGCTCTGTTGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2236 AGTTCTGTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCAGGGTTCTCCAAAATTCATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCGTGTCAGC 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCGTGTCAGC 2415
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2341 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGACAAACAGGATATGACTCTGGATGGAAATCACCTCCCA 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2416 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGACAACAGGATATGACTCTGGATGGAAATCACCTCCCCA 2475
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACGGACGTGATTCTTTTTTATAGGGTCC 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACGGACGTGATTCTTTTTTATAGGGTCC 2535
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2461 AATGAATGTGACCCAGTCCTCGCAGTTCTGGGGAGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2536 AATGAATGTGACCCAGTCCTCGCAGTTCTGGGGAGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCCAGGAGCAGCGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAAGTTTGCTGCCAGGAGCAGCGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTCTGTTGGGAGAGCGGCGGCTGCTTGCCCGCGTCTCGCTCAGTG 2640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGTGGGAGAGCGGCGGCTGCTTGCCCGCGTCTCGCTCAGTG 2715
```

```
Qy  2641 GCTGACTACCAATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAGAAGACTACTTACGTG 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2716 GCTGACTACCAATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAGAAGACTACTTACGTG 2775

Qy  2701 TGGCGGAGAACCCAAGCTATGCCTCTGGTGGCATTTCTTCTCTGCCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
         ||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCCTCTGGTGGCATTTCTTCTCTGCCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy  2761 TGCAAAACCAATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCGCATTCTCTGCAGGCCACCTGTTGCCATC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2836 TGCAAAACCAATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCGCATTCTCTGCAGGCCACCTGTTGCCATC 2895

Qy  2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2955

Qy  2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy  2941 GCCATCATGGAAGGCAGGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||
Db  3016 GCCATCATGGAAGGCAGGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy  3000 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3076 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy  3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGAGGCACTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGAGGCACTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy  3120 GCCTCCTCACCTTGCATACCACCTTTGCAAGCCTGCGCGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3196 GCCTCCTCACCTTGCATACCACCTTTGCAAGCCTGCGCGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy  3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy  3240 TTTTTTTTTTATAGAGTAACCCAAACCCTCCTTTCTTCTGCCTTGCCTCAAAACCTGCCAAATATACCC 3299
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3316 TTTTTTTATAGAGTAACCCAAACCCTCCTTTCTTCTGCCTTGCCTCAAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy  3300 ACACTTTGTGTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3376 ACATTTTGTTTTATGAAAAGGATGGGAAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATCTC 3410
```

```
RESULT 4
US-10-140-470-37
; Sequence 37, Application US/10140470
; Publication No. US20030022331A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT: Beresini,Maureen
;  APPLICANT: Desnoyers,Luc
;  APPLICANT: DeForge,Laura
;  APPLICANT: Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT: Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT: Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT: Goddard,Audrey
;  APPLICANT: Godowski,Paul J.
;  APPLICANT: Gurney,Austin L.
;  APPLICANT: Sherwood,Steven
;  APPLICANT: Smith,Victoria
;  APPLICANT: Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT: Tumas,Daniel
;  APPLICANT: Watanabe,Colin K
;  APPLICANT: Wood,William
;  APPLICANT: Zhang,Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
```

```
;  TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C160
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10,140,470
;  CURRENT FILING DATE: 2002-05-06
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10,140,470
;  NUMBER OF SEQ ID removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;  LENGTH: 3501
;  TYPE: DNA
;  ORGANISM: Homo Sapien
;  FEATURE:
;  NAME/KEY:
;  LOCATION: 2762, 2778
;  OTHER INFORMATION: unknown base
; US-10-140-470-37
; Query Match                99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
; Best Local Similarity      99.6%;  Pred. No. 0;
; Matches 3321;  Conservative  0;  Mismatches 13;  Indels  1;  Gaps  1;
```

```
Qy     1 GCAGAAGCAGCCAGCGCCAGCACCTGAGCCGCCTGCGCGTCACTCAGGACAACGCCTATG 60
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    76 GCAGAAGCAGCCAGCGCCAGCACCTGAGCCGCCTGCGCGTCACTCAGGACAACGCCTATG 135

Qy    61 GCTGAGCCTGGGCACAGCGACCACCATCTCTCCGGCCAGAGTCAGGGGAGAAGAACTGAGAGGGGC 120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   136 GCTGAGCCTGGGCACAGCGACCACCATCTCTCCGGCCAGAGTCAGGGGAGAAGAACTGAGAGGGGC 195

Qy   121 ATACCCCGCGGCTGTGTGGGCGGCTGCTGCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGGGCAGGGA 180
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196 ATACCCCGCGGCTGTGTGGGCGGCTGCTGCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGGGCAGGGA 255

Qy   181 ACGGGAGCACCGGAGCTTCACGCGCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTAGACGGCCGTGT 240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   256 ACGGGACACGGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTAGACGGCCGTGT 315

Qy   241 GACAGCAACGGGTTCCAGGTGGAGGTCGCCGGTGCCGCATACCCCGGGGCCGTGTGCACCAGC 300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGTCGCCGGTGCCGCATACCCCGGGGCCGTGTGCACCAGC 375

Qy   301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGCGACCAGTGCTCCTTCTCTTCTCGCAAACGCCGGGGCGGGGGAGGA 375
         ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGCGACCAGTGCTCCTTCTCTTCTCGCAACCGCCGGGGCGGGGGAGGA 435

Qy   361 GATATGAAGGAGACCAGTCAATGTAAGGCATGGGGCTGAGGGCCGCTACTGCCTTCGGGCACAGGC 420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436 GATATGAAGGAGACCAGTCAATGTAAGGCATGGGGCTGAGGGCCGCTACTGCCTTCGGGCACAGGC 495

Qy   421 ATTCGGTTTGATCAGTGGGATGAGCGTGCCCCATGGCCTTGGCCAGCCTCAGCCAACATG 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCGTGCCCCATGGCCTTGGCCAGCCTCAGCCAACATG 555

Qy   481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCGTGAGTCCACCGGGGAACTGTACTTCGTGCCAAGTGGGGTTCCC 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGGAACTGTACTTCGTGCCAAGTGGGGTTCCC 615

Qy   541 CGGGGGGGGACTACATCCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACACTGATGTACGCCGTC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   616 CGGGGGCGACTACATCCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy   601 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGGTTAAACTTCGAATACTTCTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   676 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGGTTAAACTTCGAATACTTCTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy   661 TTTGAGTTGTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy   721 AAGACCACAGAAGAAGGAGTGGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATGTC 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   796 AAGACCACAGAAGAAGGAGTGGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATGTC 855

Qy   781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCCTTCAGTATGGACCACAAGTACCCAAGCCTGTTGCTGGTG 840
```

```
Db  856  CTCTATTGGAGAACCACACAGCCTTCAGTATGGACCAAAAGTACCCAGCCCTGTCGGTG
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  841  AGAAACATTGCCATAAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGTTCAGAAAGTACCCAGC  900

Db  916  AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCGTGCAAACCTGGC  915
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  901  ACGGTATCCAGACAAGCAGGGGCTCCTCTTCTTCTGCAAAACTTTGCCCAGCCAAACTCTTATTCA  975

Db  976  ACGGTATGCAGACAAGCAGGGGCTCCTCTTCTTCTGCAAAACTTTGCCAGCCAAACTCTTATTCA  960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  961  AATAAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACAAATACTCAGAGAAAAGGATCT  1035

Db  1036 AATAAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACAAATACTCAGAGAAAAGGATCT  1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1021 TCTTCCTGTAAACTGTGGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACGGCC  1095

Db  1096 TCTTCCTGTAAACTGTGGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACGGCC  1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1081 TGGGATGCCAACGGAGGAGACAACTCATGTACAAAATGGGCACCCAAGCCGAAAAATCTGTAGC  1155

Db  1156 TGGGATGCCAACGGAGGAGACAACTCATGTACAAAATGGGCACCCAAGCCGAAAAATCTGTAGC  1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1141 GAGGACCTTGAGGGGCCAGTGAAGCTGCCTCTGTTGTGAAGACCAACACTGACCTC  1215

Db  1216 GAGGACCTTGAGGGGCCAGTGAAGCTGCCTCTGTTGTGAAGACCAACACTGACCTC  1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCAACCTGCCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC  1275

Db  1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCAACCTGCCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC  1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1261 TACTCCAAATGGCTCAGATGTACCCGCGTGCCCTGCGCTCCAGCCCTGCTGTGGGATTT  1335

Db  1336 TACTCCAAATGGCTCAGATGTACCCGCGTGCCCTGCGCTCCAGCCCTGCTGTGGGATTT  1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1321 GAATACAAAATGGTGGAACAGGCTGCCCAACAATGGAAACGACGTTCTCAGTGGGATC  1395

Db  1396 GAATACAAAATGGTGGAACAGGCTGCCCAACAATGGAAACGACGTTCTCAGTGGGATC  1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1381 AACTTCGAGTACAAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGGTGATCACATTTACACAGCT  1455

Db  1456 AACTTCGAGTACAAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGGTGATCACATTTACACAGCT  1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCACTGGTTCACTCTGGTTTAGCTTTAGGACTT  1515

Db  1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCACTGGTTCACTCTGGTTTAGCTTTAGGACTT  1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1501 CCGGCACTGTGATGGCAGAACACAGAGGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACACATTTGTCTTT  1575

Db  1576 CCCGACTAGTCGTTGATGGCAGAACACAGAGGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACACATTTGTCTTT  1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1561 GAGACCCTCTGTTCTCTGTGACTGTTGCAGCTCTACTTCATTGATGGTGGTGAATTCTAGGACC  1635

Db  1636 GAGACCCTCTGTTCTCTGTGACTGTTGCAGCTCTACTTCATTGATGGTGGTGAATTCTAGGACC  1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1621 AACACTCCTGTGGAGGACGTGGAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATAACCTACTACATCATT  1695

Db  1696 AACACTCCTGTGGAGGACGTGGAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATAACCTACTACATCATT  1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACACTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA  1755

Db  1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACACTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA  1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1741 AGCAGGAAGTACACACAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATATGTCACCAATGTTATG  1815

Db  1816 AGCAGGAAGTACACACAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATATGTCACCAATGTTATG  1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1801 AATGGCGTGGCCTTCCTACTGCCGTCCCTGTTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC  1875

Db  1876 AATGGCGTGGCCTTCCTACTGCCGTCCCTGTTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC  1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC  1920
```

```
Db  1936 TGCACCTCTTGTGCCTGCTGGTTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC  1995
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1921 CCCCCTAAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGGTGTGTCCAGCCTGT  1980

Db  1996 CCCCCTAAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGGTGTCCAGCCTGT  2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1981 GGTCCAGGGACCAAGAACACACAGAGATCCACTCTCTCTTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA  2055

Db  2056 GGTCCAGGGACCAAGAACACACAGAGATCCACTCTCTCTTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA  2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2041 CGCAACACTCCAACCACAGACTTTCAACTACAACTTCTCCGGCTTTGGCAAACACACGCCCCTC  2115

Db  2116 CGCAACACTCCAACCACAGACTTTCAACTACAACTTCTCCGGCTTTGGCAAACACACGCCCCTC  2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2101 CTTGCTGGGAGGGCAAGCTTCACTTCACCAACAAGGGTTGAAAATACTTCCATCACTTTTACCCTC  2175

Db  2176 CTTGCTGGGAGGGCAAGCTTCACTTCACCAACAAGGGTTGAAAATACTTCCATCACTTTTACCCTC  2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2161 AGTCTCTGTGGAAAACCAGGGTAGGAAAAAATGTCTTGTGTGTGCACCGACCAAATGTTCACTGACCTC  2235

Db  2236 AGTCTCTGTGGAAAACCAGGGTAGGAAAAAATGTCTTGTGTGTGCACCGACCAAATGTTCACTGACCTC  2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTAATCACAGCCTACGTCTGCGCCAGGCA  2295

Db  2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTAATCACAGCCTACGTCTGCGCCAGGCA  2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2281 GTCATCATCCCCCCACGGGTGACAGGCTACAAAGGCGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC  2355

Db  2356 GTCATCATCCCCCCACGGGTGACAGGCTACAAAGGCGGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC  2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2341 CTTGCTGATCGACTTTATTCGGGGTGACAACAGAATATGAGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA  2415

Db  2416 CTTGCTGATCGACTTTATTCGGGGTGACAACAGAATATGAGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA  2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGGAAATACCGGACGTGATGTCTTTTTTATAGGTCC  2475

Db  2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGGAAATACCGGACGTGATGTCTTTTTTATAGGTCC  2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2461 AATGATGTGACCCAGTCCGAGTTCTGTGGGAGATCAACACCAATCCGGCGTCAGGTGCCAGT  2535

Db  2536 AATGATGTGACCCAGTCCGAGTTCTGTGGGAGATCAACACCAATCCGGCGTCAGGTGCCAGT  2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2521 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTGCTGCTTCGCAGGAACGTGCCTCAGATGGGGACCTGT  2595

Db  2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTGCTGCTTCGCAGGAACGTGCCTCAGATGGGGACCTGT  2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2581 GATGGCTGCAACTTCCCACTTCCTGTGTGGGAGAGGCGGCGGCTGCTTGCCCGCTCTCGCTCAGTG  2655

Db  2656 GATGGCTGCAACTTCCCACTTCCTGTGTGGGAGAGGCGGCGGCTGCTTGCCCGCTCTCGCTCAGTG  2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2641 GCTGACTTACCCATGCTTATCGTTCAGCAGCTGTGTTGTGGCTGGGATCCAGAGAGACTACTTACGTG  2715

Db  2716 GCTGACTTACCCATGCTTATCGTTCAGCAGCTGTGTTGTGGCTGGGATCCAGAGAGACTACTTACGTG  2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTCTGGTGCCATTTTCTCTGCCCTGAGCAGAGAGTCACCATC  2775

Db  2776 TGCGGAGAACCCAAGCTATGCTCTCTGGTGCCATTTTCTCTGCCCTGAGCAGAGAGTCACCATC  2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2761 TGCAAAACCATAGAATTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCCACCATC  2835

Db  2836 TGCAAAACCATAGAATTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCCACCATC  2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTTGGAAAAAACTAGAGTACAAGTAC  2895

Db  2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTTGGAAAAAACTAGAGTACAAGTAC  2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2881 TCCAAGTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGC  2955

Db  2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGC  2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2941 GCCATCATCGAAGGCGAGGAGAIGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAGAA-TCACTC  3015

Db  3016 GCCATCATCGAAGGCGAGGAGAIGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAGAAGTCACTT  3075
```

RESULT 5
US-10-175-746-37

; Sequence 37, Application US/10175746
; Publication No. US20030027270A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Baker, Kevin P.
; APPLICANT: Beresini, Maureen
; APPLICANT: DeForge, Laura
; APPLICANT: Desnoyers, Luc
; APPLICANT: Filvaroff, Ellen
; APPLICANT: Gao, Wei-Qiang
; APPLICANT: Gerritsen, Mary E.
; APPLICANT: Goddard, Audrey
; APPLICANT: Godowski, Paul J.
; APPLICANT: Gurney, Austin L.
; APPLICANT: Sherwood, Steven
; APPLICANT: Smith, Victoria
; APPLICANT: Stewart, Timothy A.
; APPLICANT: Tumas, Daniel
; APPLICANT: Watanabe, Colin K
; APPLICANT: Wood, William
; APPLICANT: Zhang, Zemin
; TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
; TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
; FILE REFERENCE: P3330R1C353
; CURRENT APPLICATION NUMBER:
; CURRENT FILING DATE: 2002-06-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/175,746
; Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
; LENGTH: 3501
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo Sapien
; FEATURE:
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: 2762, 2778
; OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-175-746-37

Query Match   99.1%; Score 3303.4; DB 9; Length 3501;
Best Local Similarity   99.6%;
Matches 3321; Conservative 0; Mismatches 13; Indels 1; Gaps 1;

[Sequence alignment — Query (Qy) vs Database (Db), nucleotide positions as numbered]

```
Db  1216  GAGGACCTTGAGGGGCAGTGAAGCTGCCTCGTGGTGTAGAAGACCACTGCCCACC  1275
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1201  TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACACACGACCACCTGCCGAGCCCTGCCCA   1260

Db  1276  TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACACACGACCACCTGCCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC  1335
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1261  TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCGCCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGATTT  1320

Db  1336  TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCGCCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGATTT  1395
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1321  GAATACAAATGGTGGAACAGGCTGCCCACAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGGATC  1380

Db  1396  GAATACAAATGGTGGAACAGGCATGACAGGCGCTGCCCACACAAACATGGGAAC...  1455
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1381  AACTTCGAGTACAAAGGCGCATGACAGGCTGGAGGTGGCTGGTGGCCAGAGATTACACAGCT  1440

Db  1456  AACTTCGAGTACAAAGGCCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGGCCAGAGATTACACAGCT  1515
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1441  GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTAGACCT     1500

Db  1516  GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGTCAGGATTAGACCT    1575
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1501  CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGGCCAGAATCACATTTGTCTTT  1560

Db  1576  CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGGCCAGAATCACATTTGTCTTT  1635
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1561  GAGACCCTCTGTTCTGTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGGAATTCTAGGCA  1620

Db  1636  GAGACCCTCTGTTCTGTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGGAATTCTAGGACC  1695
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1621  AACACTCCTGTTGGAGACGCCAAACAGTCCTATACCTACATCATT            1680

Db  1696  AACACTCCTGTTGGAGACGCTCACTTCATGGGTGGGTTGAATTCTAGGACC       1755
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1681  AGCAGGAAGAGTACACCAATGACCAGAGCTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTTATG  1740

Db  1756  GAGGAGAACACTACCACGAGACTTCCAGAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACCAT  1815
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1741  AGCAGGAAGAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTTATG      1800

Db  1816  AGCAGGAAGAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTTATG      1875
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1801  AATGGCGTGGGCCTCCTTACTGCGGTCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC  1860

Db  1876  AATGGCGTGGGCCTCCTTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGGTCCTCC  1935
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1861  TGCACCCTCTTGTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGACTGGCCACTCCTGC     1920

Db  1936  TGCACCCTCTTGTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGACTGGCCACTCCTGCA     1995
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1921  CCCCCTAACACAATTCTGAAAAGCCCACCACCGCCTTATGGTGTTGTCCAGGCCTGT   1980

Db  1996  CCCCCTAACACAATTCTGAAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTTGTCCAGGCCTGT    2055
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1981  GGTCCAGGGACCAAGAGAACAACAGAGATCCACTCTCTGCTACAAATGATTGCACCTTCTCA  2040

Db  2056  GGTCCAGGGACCAAGAGAACAACAGATCCACTCTCTGTGTCCTACAAATGATTGCACCTTCTCA  2115
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2041  CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGGCTTTGGAAAACACCGTCACT  2100

Db  2116  CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACCACCGTCACT                2175
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2101  CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGTTGAAATACTTCCATCACATTTTACCCTC  2160

Db  2176  CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACATTTTACCCTC  2235
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2161  AGTCTCTGTGTGGAAACAGGGTTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTC  2220

Db  2236  AGTCTCTGTGTGGAAACAGGGTTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTC  2295
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2221  CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA   2280
```

```
Db  2296  CGGATTCCTGACGGGTGAGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA  2355
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2281  GTCATCAATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCGTCAGC  2340

Db  2356  GTCATCAATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCGTCAGC  2415
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2341  CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA   2400

Db  2416  CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA   2475
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2401  GCTGAAACTTTTCCACCTGGAGTGCCTTGGGAATTACCGGACGTGAATCTTCTTTTATAGGTCC  2460

Db  2476  GCTGAAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATTACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC  2535
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2461  AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGGATCAACCACCACCATCCGCGTGCGCTGCAGT  2520

Db  2536  AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGGATCAACCACCACCATCCGCGTGCGCTGCAGT  2595
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2521  CCACAGAAAAACTGTCCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAACGTGGGACCTGT     2580

Db  2596  CCACAGAAAAACTGTCCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAACGTGGGACCTGT     2655
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2581  GATGGCTGCAACTTCCACTTCCCGTGTGGGAGAGCGGCCGGGCTTGCCCGCTCGCTCAGTG  2640

Db  2656  GATGGCTGCAACTTCCACTTCCCGTGTGGGAGAGCGGCCGGGCTTGCCCGCTCGCTCAGTG  2715
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2641  GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTTGTGTGCCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG  2700

Db  2716  GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTTGTGTGCCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG  2775
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2701  TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGCTGCTTCAAAGGAATGCGGCAGTTCTCTGCCTGACCATC  2760

Db  2776  TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGCTGCTTCAAAGGAATGCGGCACTTCTCTGCCTGACCATC  2835
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2761  TGCAAAAACCATAGAATTTCTGCCTGCTACTTTTGGAAAAGAATGTGGCACCTGTACTGCCATC  2820

Db  2836  TGCAAAAACCATAGAATTTCTGCCTGCTACTTTTGGAAAAGAATGTGGCACCTGTACTGCCATC  2895
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2821  CTGCTCACCGTCTTGACCTGTCGTACTTTTGGAAAGACTGACCTGCCAGCGACAGCTGC     2880

Db  2896  CTGCTCACCGTCTTGACCTGTCGTACTTTTGGAAAGACTGACCTGCCAGCGACAGCTGC     2955
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2881  TCCAAGCTCTGGTGATGAAATGCTACTCTCAAAGGACTGTGACCTGCCACCGACAGCTGC    2940

Db  2956  TCCAAGCTCTGGTGATGAAATGCTACTCTCAAAGGACTGTGACCTGCCACCGACAGCTGC    3015
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2941  GCCATCATCGGAAAGGCGCGAGGATGTGTAGAGCAGGACCTCATCTTTACCAGCCAAGAA-TCACTC  2999

Db  3016  GCCATCATCGGAAAGGCGCGAGGATGTGTAGAGCAGGACCTCATCTTTACCAGCCAAGAAGTCACTT  3075
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3000  TTTGGGAAGGATCAAAATCAATTTACCTCCAAGAGAGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG  3059

Db  3076  TTTGGGAAGGATCAAAATCAATTTACCTCCAAGAGAGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG  3135
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3060  CTGAAGACATCCTCAGGAGCGCCCAGACACATGGACACTTGTGAAGCACTGTCCGCCTCACCT  3119

Db  3136  CTGAAGACATCCTCAGGAGCGCCCAGACACATGGACACTTGTGAAGCACTGTCCGCCTCACT  3195
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3120  GCCTCCTCTCACCTTGCAATAGCCACCTTTGCAAGCCTCGCGCGGGACCTGCCAGGGATCCGG  3179

Db  3196  GCCTCCTCTCACCTTGCAATAGCCACCTTTGCAAGCCTCGCGCGGGACCTGCCAGGGATCCGG  3255
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3180  CAACACCCACTGCTGGAAAATCTTCTTCATTGTGGCCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC  3239

Db  3256  CAACACCCACTGCTGGAAAATCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC   3315
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3240  TTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCTCCTTCTTGTGTGCCTCAAACCTGCCAAATATACC  3299

Db  3316  TTTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCCTCCTTTCTTGCCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACC  3375
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3300  ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA                      3334

Db  3376  ACAATTTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCCTCCTTTCTTGCCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACC  3410
```

RESULT 6
US-10-176-918-37
Sequence 37, Application US/10176918
Publication No. US20030027275A1
GENERAL INFORMATION:
  APPLICANT: Baker,Kevin P.
  APPLICANT: Beresini,Maureen
  APPLICANT: DeForge,Laura
  APPLICANT: Desnoyers,Luc
  APPLICANT: Filvaroff,Ellen
  APPLICANT: Gao,Wei-Qiang
  APPLICANT: Gerritsen,Mary E.
  APPLICANT: Goddard,Audrey
  APPLICANT: Godowski,Paul J.
  APPLICANT: Gurney,Austin L.
  APPLICANT: Smith,Victoria
  APPLICANT: Sherwood,Steven
  APPLICANT: Stewart,Timothy A.
  APPLICANT: Tunas,Daniel
  APPLICANT: Watanabe,Colin K
  APPLICANT: Wood,William
  APPLICANT: Zhang, Zemin
  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
  TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
  FILE REFERENCE: P3330R1C382
  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/176,918
  CURRENT FILING DATE: 2002-06-20
  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
    Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
SEQ ID NO 37
  LENGTH: 3501
  TYPE: DNA
  ORGANISM: Homo Sapien
  FEATURE:
  NAME/KEY: unsure
  LOCATION: 2762, 2778
  OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-176-918-37

Query Match   99.1%;   Score 3303.4;   DB 9;   Length 3501;
Best Local Similarity 99.6%;   Pred. No. 0;
Matches 3321; Conservative 0; Mismatches 13; Indels 1; Gaps 1;

Qy   1 GCAGAAGCAGCAGCGCAGCACCGCAGCCACCTGAGCCGCCGCTCACTCAGGACAANCGCTATG 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db   76 GCAGAAGCACACGCCGCACCACCTGAGCCGCCGCTACTGCGCGTCACTCAGGACAANCGCTATG 135

Qy   61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCAATCTCTTCCGCCCAGAGTCAGGGAGAGAGGGCGGC 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCAATCTCTTCCGCCCAGAGTCAGGAGAACTGAGAGGCGGC 195

Qy   121 ATACCCCGGCCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCGCTTCCAGGTCACCCAGGGA 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGGCTGGCGACCGCGGCCCAGGGA 255

Qy   181 ACGGGACCGGAGACTTCACGCCTTGCAAAGAGTCTGAGTAGTACACGGCGGTGT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTAGTACACGGCGTGT 315

Qy   241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGCCATACCCGGGGCCTTGTCACCAGC 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db   316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGCGCATACCCCGGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy   301 CTGGCCTGCAGCCCGTCAAAGGGCACCGGAGAGTGGCTCCTTCCTCTCCTGCCAAGACGACGCGGGGAGTTTCTG 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCCAGTGCTCTTCCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy   361 GATATGAAGAAGACCAGTCATGTAAGCCATGCGGCTGAGGGCGCTACTCCCTCGGCCACAGGC 420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436 GATATGAAGAAGACCAGTCATCATGTAAGCCATGCGGCCGCTACTCCCTCGGCCACAGGC 495

Qy   421 ATTCGGGTTTGATGAGTGGGATGGAGAGTGCGGCCCCATGGCTTTGCCCAGCCTCGCCAAACATG 480
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   496 ATTCGGGTTTGATGAGTGGGATGGAGTGCGGCCCCATGGCTTTGCCCAGCCTCGCCAAACATG 555

Qy   481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCGAGTGCCACCGGGGAACTGTACTTCGTTCGTTCCAAGTGGGGTTCC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCGAGTGCCACCGGGAACTGTACTTCGTTCCAAGTGGGGTTCC 615

Qy   541 CGGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAGAATGCACAGGCCACACTGAATGTACGCCGTC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAGAATGCACAGGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy   601 AACCTGAAGCAATCTGGCCACGGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACATCATC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   676 AACCTGAAGCAATCTGGCCACGGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACATCATC 735

Qy   661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGATG 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGATG 795

Qy   721 AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   796 AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy   781 CTCTATTGGAGACCACACCAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAAGTACCCAAGCCTGTTGCTGGTG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   856 CTCTATTGGAGACCACACCAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAAGTACCCAAGCCTGTTGCTGGTG 915

Qy   841 AGAAACATTGCCATAACACAGAGGGTGGCCTACCACTTCAGAATGTCTTCCCGTCGCAAACCTGGC 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   916 AGAAACATTGCCATAACACAGAGGGTGGCCTACCACTTCAGAATGTCTTCCCGTCGCAAACCTGGC 975

Qy   901 ACGTATCCAGACAAGCAGAGGGTCCCTCCTCGTTTCTGCAAACTTTGCCAGCCAAACTCTTATTCA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   976 ACGTATCCAGACAAGCAGAGGGCTCCCTCCTCGTTTCTGCAAACTTTGCCAGCCAAACTCTTATTCA 1035

Qy   961 AATAAAGGAGAAAAACTTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAAGAAGGATCT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAAAACTTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAAGAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCCTGTAACGTGGGCCCCAGCTTGCACAGACAAAAAGTACACACACACGGCC 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGAGACAACAACTCATGTACACAAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGAGACAACAACTCATGTACACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGGCCAGTGAAAGCTGCCTGCCTCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCACCC 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGGCCAGTGAAAGCTGCCTGCCTCTCGGTGTGAAGACCCACTGCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCAACCTGCCCAGCCCTCCCCATATGGTTCC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCAACCTGCCCAGCCCTCCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCCAATGGCTCAGACTGTTACCCGTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCCAATGGCTCAGACTGTTACCCGTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GRATACAAAATGGTGGAACACGGCGTGCCCACAAACATGGAAAACAGACGGTTCTCAGTGGGGATC 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GRAATACAAAATGGTGGAACACGGCGTGCCCCACAAACATGGAAAACAGACGGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAAGGGCCATGACAGCGTCTGGGAGGTTGGCGTGGCTGGTGATGATCACAGTTACACAGCT 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACACAAAGGGCCATGACAGCGTCTGGGAGGTTGGCGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCCTCAGACAAAATGACTTCATGAATTCTCACTCTGGTTGTTGCCAGGATTTAGACCT 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAACAATGACTTCATGAATTCTCACTCTGGTTGTTGCCAGGATTTAGACT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAAATCACATTGTCTTT 1560

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1576 CCGCAGTCGGTGAATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635
Qy  1561 GAGACCCTCGTTCTGTCGTGTGATGGGAGCTGAGCTGAGTTCATGGTGGTGAATTCTAGGACC 1620

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1636 GAGACCCTCTCGTTCTTGTCGTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGTGAATTCTAGGACC 1695
Qy  1621 AACACTCCTCGTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755
Qy  1681 GAGGAGGAACACTACCACGAGACGCTTCACCTGGGCCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1756 GAGGAGGAACACTACCACGAGACGCTTCACCTGGGCCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815
Qy  1741 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCACTACCAAATGTTATG 1800

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1816 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCACTACCAAATGTTATG 1875
Qy  1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCGGTCCCTGCCCTAGAAGGCCTCTTGGTGGGCTCCTCC 1860

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCGGTCCCTGCCCTAGAAGGCCTCTTGATGTGGGGCTCCTCC 1935
Qy  1861 TGCACCTCTTGTCCTGTCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1936 TGCACCTCTTGTCCTGTCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995
Qy  1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055
Qy  1981 GGTCCAGGGACCAAGAGAACAAAGAAGATCACATCTCTTCTTGTCCTACAAATGATTGACCTTCTCA 2040

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2056 GGTCCAGGGACCAAGAGAACAAAGAAGATCACATCTCTTCTTGTCCTACAAATGATTGCACCTTCTCA 2115
Qy  2041 CGCAACACTCCAACCAGAGACTTTCAACTACACACTCTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2116 CGCAACACTCCAACCAGAGACTTTCAACTACACACTCTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175
Qy  2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTCCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACACTTTACCCTC 2160

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTCCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACACTTTACCCTC 2235
Qy  2161 AGTCTCTGTGTGGAAAACGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGTGCCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2236 AGTCTCTGTGTGGAAAACGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGTGCCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295
Qy  2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355
Qy  2281 GTCATCAATCCCCCAGAGGTGCACAGGCTACAGGCCGCGGGTGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2356 GTCATCAATCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGCGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415
Qy  2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475
Qy  2401 GCTGAACTTTTCCACCTGAGTCCTGGGAATACCGGACGTGATCTGTCTCTTTTATAGGTCC 2460

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2476 GCTGAACTTTTCCACCTGAGTCCTGGGAATACCGGACGTGATCTGTCTCTTTTATAGGTCC 2535
Qy  2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCACCATCCGGCGTCAGGTGCAGT 2520

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCACCATCCGGCGTCAGGTGCAGT 2595
Qy  2521 CCACGAAAAACTGTCCCTGGGAACGTTTGCTGCTGCGTGCGGAGAACCGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTGCTGCGTGCGGAGAACCGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655
Qy  2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCGTTGCCCGGCCTTGCCTCAGTG 2640
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGGCTGCCGGAAGAGACTACTTACGTG 2715
Qy  2641 GCTGACTACCATGCTATCGCTACGAGCTCGTGTGTGGCTGGGATCCAGAGANGACTACTTACGTG 2700

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2716 GCTGACTACCATGCTATCGCTACGAGCACGTGTGTGGCTGGGATCCAGAGANGACTACTTACGTG 2775
Qy  2701 TGGCGGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTCTGGGCCTGGCCATTTCTCTGCCTGAGCGACGAGAGTCACCATC 2760

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTCTGGGCCTGGCCATTTCTCTGCCTGAGCGACGAGAGTCACCATC 2835
Qy  2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGGCATCTCTGCGAGGCACCCTGTACTGCCATC 2820

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGGCATCTCTGCGAGGCACCCTGTACTGCCATC 2895
Qy  2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTTGCTGCTACTTTTTGGAAAAAGAAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTTGCTGCTACTTTTTGGAAAAAGAAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955
Qy  2881 TCCAAGCTGGTGATGGAAATGCTACTCTCAAAGGACTGTGACCTGGCCAGCTGACAGCTGC 2940

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2956 TCCAAGCTGGTGATGGAAATGCTACTCTCAAAGGACTGTGACCTGGCCAGCTGACAGCTGC 3015
Qy  2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGAGACTCATCTTTACCAGGCAAGA-TCACTC 2999

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGAGACTCATCTTTACCAGGCAAGAGTCACTT 3075
Qy  3000 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGACACTCCTGATGGATTTTGACTCAGTGCCG 3059

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3076 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGACACTCCTGATGGATTTTGACTCAGATC 3135
Qy  3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACACTGAGAGGCACTCCCTGCCTCACCT 3119

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACACTGAGAGGCACTCCCTGCCTCACCT 3195
Qy  3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTTGCCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTTGCCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255
Qy  3180 CAACACCCACTGCCTGAAAATCTCTTCAATGTGTGGCCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC 3239

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3256 CAACACCCACTGCCTGAAAATCTCTTCAATGTGTGGCCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC 3315
Qy  3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAAATATACCC 3299

            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAAATATACCC 3375
Qy  3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAA 3334

            ||| ||| ||||  ||  ||||||||||||||||||||||
Db  3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

```
;
;   TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;   TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
;   FILE REFERENCE: P3330R1C288
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/176,921
;   CURRENT FILING DATE:  2002-06-20
;   Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
;   SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-176-921-37

Query Match            99.1%;     Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
Best Local Similarity  99.6%;     Pred. No. 0;  Mismatches 13;  Indels 1;  Gaps 1;
Matches 3321; Conservative  0; Mismatches 13; Indels 1; Gaps 1;
```

```
Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGGACAAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTTACTGCCGGACAAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCCACAGCCACCAATCTCTCCGCGCCAGAGTCAGGGAGAAGAGAGCGC 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCCACAGCCACCAATCTCTCCGCGCCAGAGTCAGGAGAAGAAGAGCGC 195

Qy    121 ATACCCCCGGCCGTGTGGGCGGGCTGCTGCTCTGGGGACCCCTTCAGGGTGACCCAGGGA 180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCCGGCTGTGTGGGCGGGCTGCTGCTCTGGGGACCCCTTCAGGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACACTGAGTACACGCGCGTGT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGCGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTTCGCGCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGCCGTGCCCGATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGCAACCCGTCAAGGCGCACCGAGTGCTCCTTCCTCTCCTGCAACCGCGGGGGAGTTTCTG 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGCACCGAGTGCTCCTTCCTCTCCTGCAACCGCGGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGAACCACCAGTCATGTAAGCCATGCGCCGCTACTCCCTCGGCACCAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCCGCTACTCCCTCGGCACCAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGCTTTGCCAGCCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGCTTTGCCAGCCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGAACTGTACTTCGTCCAAAGTGGGTTCCC 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGAACTGTACTTCGTCCAAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACACGCCTTCAACACGACGAGCGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACACGCCTTCCACACGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAACCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAACCAAATCTGGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAAATGCACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAGAAAGGATGGGAAATTCCACAGTGTGTGGAGCTAAATCGAGGCCAATAATTGTC 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAGAAAGGAATTCCACAGTGTGTGGGAGCTAAATGAGGCAAATAATTGTC 855
```

```
Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACAATTGCCATAACACAGGGGTGGCCCTACACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGCC 900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGCCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGCC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGGCTCCTCTTTCTTGCAAAACTTTTGCCCAAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGGCTCCTCTTTCTTGCAAAACTTTTGCCCAAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGAGATTATTTCTACACACACGCGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAAAGAGATTATTTCTACACACACGCGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGAGCGAGACACAACAACTCATGTACAAAAGCGGAAAATCTGTAGC 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGAGCGAGACACAACAACTCATGTACAAAATGGGCCAAAGCCGGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGAACCTTGAGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCGGTGTGGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGAACCTTGAGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCGGTGTGGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCACACTGCCACCCTGCCACCATATGTTCC 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACAACAGCACACTGCCACCCTGCCACCATATGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGGATTT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGTGGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAAATGGTGGAACAACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAAATGGTGGAACAACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGCCATGAACCGCTGGGAGGTGGCTGGTGATGCACATTACACAGCT 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGCCATGAACCGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGAGATCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGAGATCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGCGGTTGCAGCCCATGGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGCGGTTGCAGCACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGACGAGTGGGAAAAGGTTCCAAAGGGCAAAACAGTGTCCTATAACCTACCATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGACGTTGAAAAGGTTCCAAAGGGCAAAACAGTGTCCTATAACCTACCATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACACTTTTCATGAGGCA 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAGTACACCAATAGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAAATGTCACCAAATGTTATG 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATAGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAAATGTCACCAAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGGTGGGCTCCTCC 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTGTCCTGCTGGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
```

```
Db 1936 TGCACCTCTTGTCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAAACCTGGCACTCCTGC 1995
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCGCCTTATGGTGTCCAGGCCGT 1980

Db 1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCGCCTTATGGTGTCCAGGCCGTGT 2055
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAGATCCACTCACTCTCTGTCCTACAATGANTGCACCTTCTCA 2040

Db 2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAGATCCACTCACTCTCTGTCCTACAATGANTGCACCTTCTCA 2115
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAAACTACAACTTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2100

Db 2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAAACTACAACTTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2175
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCATCACTTTACCCTC 2160

Db 2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCATCACTTTACCCTC 2235
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220

Db 2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTCTGCCAGGCA 2280

Db 2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTCTGCCAGGCA 2355
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2281 GTCATCATCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340

Db 2356 GTCATCATCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2341 CTTGGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400

Db 2416 CTTGGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTTATAGGTCC 2460

Db 2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTTATAGGTCC 2535
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGGCGTCAGGTGCAGT 2520

Db 2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGGCGTCAGGTGCAGT 2595
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTGCTCCAGGAAGTGCTCAGATGGGAGACCTGT 2580

Db 2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTGCTCCAGGAAGTGCTCAGATGGGAGACCTGT 2655
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCTCTGTGGGAGAGCGCGGCGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640

Db 2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCTCTGTGGGAGAGCGCGGCGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2641 GCTGACTACCATGCTATCCGTCGCAGCTGTGGCGGATCCAGAGAGACTACTTACGTG 2700

Db 2716 GCTGACTACCATGCTATCCGTCGCAGCTGTGGCGGATCCAGAGAGACTACTTACGTG 2775
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2701 TGGCAGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGGTGGCCATTCTTCTGGCCTGAGCGAGCAGTCACCATC 2760

Db 2776 TGNCGAGAGAACCCAAGCTATAGTCTCTTGGTGGCCATTTCTCTGCCTGAGCGAGCAGTCACCATC 2835
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2761 TGCAAAAACCATAGATTTCTGCGTGAAAAGTGGGCAATCCTGCACCTGACCTG 2820

Db 2836 TGCAAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCAATCCTGCACCTGTACTGCCATC 2895
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2821 CTGCTCACCGTTCTTGACCTGCTTGAAAGTGGGCAATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880

Db 2896 CTGCTCACCGTTCTTGACCTGCTTGAAAGTGGGCAATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2881 TCCAAGCTGGTGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940

Db 2956 TCCAAGCTGGTGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGCAGGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999

Db 3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGCAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3000 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGGAGACTCCTGATGGGATTTGACTCAGTGCCG 3059

Db 3076 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGGAGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3060 CTGAAGACATCCTCAGGGAGGCCCAGACAGCAATGAACGACCTGTGAGGACGACTGCCTGCCTCACCT 3119

Db 3136 CTGAAGACATCCTCAGGGAGGCCCAGACAGCAATGAACGACCTGTGAGGACGACTGCCTGCCTCACCT 3195
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3120 GCCTCCTCACCTTGCCATAGCACCTTTTGCAAGCCCTGCGCGCGGCGGGATTTGGGTGCCAGCTGTG 3179

Db 3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTTGCAAGCCTGGCGCGCGGGATTTGGGTGCCAGCTGTG 3255
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3180 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTTATCAGATGTTTGGAATTTCAGATC 3239

Db 3256 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTTATCAGATGTTTGGAATTTCAGATC 3315
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3240 TTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCTCCTTTTCGCTTGCCTCCAAAACCTGCCAAATATACCC 3299

Db 3316 TTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCTCCTTTTCGCTTGCCTCCAAAACCTGCCAAATATACCC 3375
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 3300 ACACTTTGTTTTGTTGAAATTAAAAAAAAAAAAAAAA 3334

Db 3376 ACATTTTTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

Query Match   99.18%;   Score 3303.4;   DB 9;   Length 3501;
Best Local Similarity   99.6%;   Pred. No. 0;
Matches 3321;   Conservative 0;   Mismatches 13;   Indels 1;   Gaps 1;

```
Qy 1  GCAGAAACGAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGGCTCACTCAGGACAAGGCTATG 60
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGGCTCACTCAGGACAAGGCTATG 135
```

```
Qy    61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGCCAGTCAGGGAGGAAGAACTGAGAGGCC 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGCCAGTCAGGGAGGAAGAACTGAGAGGCC 195

Qy   121 ATACCCCGGCTGTGGGCGGGCGCTGCTGCTCTGGGCGTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196 ATACCCCGGCTGTGGGCGGGCGCTGCTGCTCTGGGCGTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy   181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCGTCGAAAGAGTCTGAAGACACGGGCGTGT 240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   256 ACGGGACCGGAGCTTCATCGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACACGGGCGTGT 315

Qy   241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGCCAGTACACCCTGTGTCCACCAGC 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGCCAGTACACCCTGTGTCCACCAGC 375

Qy   301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCAGGTGCTCCTCTTCTCCGCAAGCC 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCAGGTGCTCCTTCTCCTGCACCAGC 435

Qy   361 GAATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGGGGCCGGTACTCCCTGCTG 420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGGCCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCACAGGC 495

Qy   421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGACTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCACCCAACATG 480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATCAGCTCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCACACATG 555

Qy   481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCCAAGTGGGTTCCC 540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy   541 CGGGGCGACTACATCGGCTTCAACACGGACCGAATGTCCACACGACCACTGATGTACGCCGTC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   616 CGGGGCGACTACATCGGCTTCAAACACGGACGAATGCACACGACCACTGATGTACGCCGTC 675

Qy   601 AACCTGAAGAGAAATCTGGCACCGTTAACTTCGGAATACTATATCCAGAACTCCAGCATCATC 660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   676 AACCTGAAGAGAAATCTGGCACCGTTAACTTCGGAATACTATATCCAGAACTCCAGCATCATC 735

Qy   661 TTTGAGTTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGTACTCCAGGTGGGATG 720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   736 TTTGAGTTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGGATG 795

Qy   721 AAGACCACAGAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGGAGGCAATAATGTC 780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGGAGGCAATAATGTC 855

Qy   781 CTCTATTGGAGAACCACACAGCCTTCTCAGTATGATGACCAAAGTACCCAAGCCCTGTGCTGGTG 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   856 CTCTATTGGAGAACCACACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCCTGTGCTGGTG 915

Qy   841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy   901 ACGTATGCGAGACAGAGACAGGGCTCCTCTTTCTTGCCAGCCAACTTCTTATTCA 960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   976 ACGTATGCGAGACAGAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCCAAACTTTGCCAGCCAACTTCTTATTCA 1035

Qy   961 AATAAAAGGAGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAAGAGAAGATCT 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1036 AATAAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAAGAGAAGATCT 1095

Qy  1021 TCTTCCTGTAAGCTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACGGCC 1080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1096 TCTTCCTGTAAGGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTTACACACACGGCC 1155

Qy  1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215
```

```
Qy  1141 GAGGACCTTGAGGGGGGCACTGAGAAGCTGCCTGCCTCTGGGTGTGTGAAGACCACTGCCCACC 1200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1216 GAGGACCTTGAGGGGGCACTGAGAAGCTGCCTGCCTCTGGGTGTGTGAAGACCACTGCCCACC 1275

Qy  1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACACAACGACAACTGCCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAAACCAACACAACGACAACTGCCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy  1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCGTGCCCTGCAGGGACTGAAACTGCTGTGGGATTT 1320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCGTGCCCTGCAGGGACTGAAACTGCTGTGGGATTT 1395

Qy  1321 GAATACAAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAAACATGAAAACAGACGGTTCTCAGTCAGGGATC 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1396 GAATACAAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAAACATGAAAACAGACGGTTCTCAGTCAGGGATC 1455

Qy  1381 AACTTCAGAGTACACAAGGCCATGACAACGCGTGCCCACACAAACATGACCAGTCAGTGGGATC 1440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1456 AACTTCAGAGTACACAAGGCCATGACAACGCGTGCCCACACAAACATGACCAGTCAGTGGGATC 1515

Qy  1441 GCTGGGACGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGAGATTTAGACCT 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1516 GCTGGGACGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGAGATTTAGACCT 1575

Qy  1501 CCGCAGTCGGTGAGTGGGCAGACAGCTTCACCTGGCCTTCCAGAGAATCACATTTGTGTCTTT 1560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1576 CCGCAGTCGGTGAGTGGGCAGACAGCTTCACCTGGCCTTCCAGAGAATCACATTTGTGTCTTT 1635

Qy  1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTTACTTCATGTGTTGAGTTTCAGGACC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1636 GAGACCCTCGTCTCGTGAACTGTGAGCTCTTACTTCATGTGTTGAGTTTCAGGACC 1695

Qy  1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy  1681 GAGGAGAAACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1756 GAGGAGAAACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy  1741 AGCAGGAAGTACACCACGAGGTTGCCAAGATCTACCTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1816 AGCAGGAAGTACACCACGAGGTTGCCAAGATCTACCTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy  1801 AATGGCGTGGGCCTCCTACTGCCGTCCCGTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCCTCC 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1876 AATGGCGTGGGCCTTCCTACTGCCGTCCCTACTGGGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGGCTCCTCC 1935

Qy  1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGCGGTTACTATATTGACGGAGAATTCAGGAAGAACCTGCCAACTCCTGC 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACGGAGAATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy  1921 CCCCTACACAACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1996 CCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy  1981 GGTCCCAGGGACCAAGAACACAAGAGATCCACTCGTCTCGTGCTACAAATGATTGCAACCTTCTCA 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2056 GGTCCCAGGGACCAAGAACACAAGAGATCCACTCGTCTCGTGCTACAAATGATTGCAACCTTCTCA 2115

Qy  2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2175

Qy  2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAAATACTTCCATCACTTTACCCCTC 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAAATACTTCCATCACTTTACCCCTC 2235

Qy  2161 AGTCTCTGTGTGAAAACCAGGGTAGGAGAAAAGTCTCTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTC 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2236 AGTCTCTGTGTGAAAACCAGGGTAGGAGAAAAGTCTCTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTC 2295

Qy  2221 CGGAGTTCCTGAGGGGTTGAGGTGAGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTCTAGGTCTGCCAGGCA 2280
```

```
Db   2296  CGGAATCCTGAGGGTGAGTCAGGGTGTTCTCCAAATCTATCACAGACGTTCTGCCAGGCA 2355
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2281  GTCATCATCCCCCAGGAGGTGACAGGCTGACCAAGGCCCGGGGTTTCCTCACAGCCTCAGC 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356  GTCATCATCCCCCAGGAGGTGACAGGCTGACCAAGGCCCGGGGTTTCCTCACAGCCTCAGC 2415
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2341  CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGGGGTGACAACAGATATGACCTCCGATGGAATCACCTCCCCA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356  CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGACAACAGATATGACCTCGGATGGAATCACCTCCCCA 2415
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2401  GCTGAACTTTTCCCACTCTGGGAGTGCCTGGGAATACCGGACGTGAATCTCTTTTTATAGGTCC 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416  CTTGCTGATCGGACTTTATTGGGTGACACACAGATATGACCTCGGATGGAATCACCTCCCCA 2475
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2461  AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGCAGTGGGGAGATCAACCACCATCCGCCTCAGGTGCAGT 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476  GCTGAACTTTTCCCACTCTGGGAGTGCCTGGGAATACCGGACGTGAATCTCTTTTTATAGGTCC 2535
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2521  CCACAGAAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTCGTTCTGGGAGATCAACCAGGTCAGGTGCAGT 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536  AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGCAGTGGGGAGATCAACCACCATCCGCCTCAGTTGCAGT 2595
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2581  GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGCGGCTCGTCGCCGCTCTCGTCTCAGTTG 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596  CCACAGAAAAACTGTCCCTGGGAAGTTTGCTCGTTCTGCTCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2641  GCTGACTACCATGCTATCGTCACCAGCGTGTGTGGCGTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656  GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGCGGCTCGTCGCCGCTCTCGTCTCAGTTG 2715
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2701  TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGTGGCATTTCTCTCGTCGCCGCTCCGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716  GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCGTGTGTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2775
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2761  TGCAAAACCATAGAATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCCACCTGTACTCACCATC 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776  TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCCATTTCTCTCGTCGCCTCGAGCAGAGAGTCACCATC 2835
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2801  CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTCTACTTTTGGAAAAAGAAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836  TGCAAAACCATAGAATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCCACCTGTACTCACCATC 2895
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2821  CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTCTACTTTTGGAAAAAGAAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896  CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTCTACTTTTGGAAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2881  TCCAAGCTGGTGATGAAATGCTACTCTCCAAAGGACGTGACCTGACCAGCTGGACAGCTGC 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956  TCCAAGCTGGTGATGAAATGCTACTCTCAAGGACGTGACCTGCCAGCACGTGACAGCTGC 3015
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2941  GCCATCATGGAAGGGGAGGGGACGGACGACCTCATCTTTACCACCAAGAA-TCACTC 2999
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db   3016  GCCATCATGGAAGGCGAGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCACCAAGAAGTCACTT 3075
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3000  TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGACGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076  TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGACGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3060  CTGAAAGAGACAATCCTCAGGAGGGCCCAGACACTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136  CTGAAAGAGACAATCCTCAGGAGGGCCCAGACACTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3120  GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCACAGCCTCGCGGGGCCGGGGGCCCTGTGCACCAGC 3179
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196  GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCACAGCCTCGCGGGGCCGGGGGCCCTGTGCACCAGC 3255
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3180  CAACACCACTGCTGGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256  CAACACCACTGCTGGGAAAATCTCTTCATTGTGGCCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3240  TTTTTTTTTATAGAGTACCCAAAAACCCTCCCTTCTCCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316  TTTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCCTCCCTTCTCCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375
           ||| ||| |||  |||||||||||||
Qy   3300  ACACTTTGTTGTTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
           ||| ||| |||  |||||||||||||
```

```
Query Match          99.18;   Score 3303.4;    DB 9;   Length 3501;
Best Local Similarity  99.68;   Pred. No. 0;   Indels 1;   Gaps 1;
Matches 3321; Conservative   0; Mismatches   13;
```

```
Qy     1  GCAGAACGACAGCAGCCGCGAGCAACCTGAGCCCGCTCACTCGCGCTCACTCAGGACAAAGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    76  GCAGAAGCAGCAGCGGGCAGCAACCCACCTGAGCCCGCTCACTGCCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    61  GCTCGAGCCTGGGCACAGCCACCACCATCTCTCCGCCACAGAGTCAGGGGAAGAAACTGAGAGGCGC 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   136  GCTCGAGCCTGGGCACAGCCACCACCATCTCTCCGCCACAGAGTCAGGAGAGAACTGAGAGGCGC 195
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   121  ATACCCCGGCCTGTGTGGCGGCGGCTTCACCGCTGCAAAGAGTCTGAGAGTACCACTATGAGTACACGGC 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196  ATACCCCGGCCTGTGTGGCGGCTGCTTGTCGCTCTGGGCGACCGCCCTTCCAGGTGACCGGA 255
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   181  ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   256  ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   241  GACACGCACGGGTTCCAGGTGCGGAGGGTCGCGGTGCGCGCAATACCCGGCCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   316  GACACGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCGGTGCGCGCATACCCGGCCCTGTGCACCAGC 375
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   301  CTGCCTCGACCCGTCANAGGCGCCAGGAGTGCTCCTTCTCTGCACAACGCCGGGAGTTTCTG 360
          ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376  CTGTCTCGACCCGTCAAAGGCGCCACCGAGTGCTCCTTCTCTGCACAACGCCGGGAGTTTCTG 435
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   361  GATATGAAGGAGACCAGTCATGTAAGCCCATGGCCTGAGGGCCGGCCTACTCCGCGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436  GATATGAAGGAGACCAGTCATGTGAAGCCCATGGCCTGAGGGCCGGCCTACTCCCTCGGCGCACAGGC 495
```

```
Qy    421  ATTCGGTTTTGATGAGTGGGAGTGGGATGAGAGCTGGCCCCATGGCTTTTGCCAGCCCTCTCAGCCACATG   480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496  ATTCGGTTTTGATGAGTGGGAGTGGGATGAGAGCTGGCCCCATGGCTTTTGCCAGCCCTCTCAGCCACATG   555

Qy    481  GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTGCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGGTTCCC   540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556  GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTGCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGGTTCCC   615

Qy    541  CGGGGCGACTACATCGGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC   600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616  CGGGGCGACTACATCGGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC   675

Qy    601  AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACATCCAGACTCCAGACATCATC   660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676  AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACATCCAGACTCCAGACATCATC   735

Qy    661  GAGGAGAACACTACCACGACAGTACCAGCTGAGGCAATAATGTC   720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736  GAGGAGAACACTACCACGACAGTACCAGCTGAGGCAATAATGTC   795

Qy    721  AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAATTCCACAGTTCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGTGGATG   780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796  AAGACCACAGAGAAAAGGATGGGAATTCCACAGTTCCAGCCCAAATGCAGATGACTCCAGTGGATG   855

Qy    781  CTCTATTGGAGAAACCAGAGCCTTCTCAGTATGGACCAAGAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG   840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856  CTCTATTGGAGAAACCAGAGCCTTCTCAGTATGGACCAAGAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG   915

Qy    841  AGAAACAATTGCCATAACAGAGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC   900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916  AGAAACAATTGCCATAACAGAGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC   975

Qy    901  ACGTATGCAGACAAGCACAGGGGTCCTCTTTCTCGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA   960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976  ACGTATGCAGACAAGCACAGGGGTCCTCTTTCTCGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA   1035

Qy    961  AATAAAGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT   1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1036 AATAAAGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT   1095

Qy    1021 TCTTCCGTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGAGATTATTTCTACACACACGGCC   1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1096 TCTTCCGTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGAGATTATTTCTACACACACGGCC   1155

Qy    1081 TGCGATGCCAACGGACGAGCAGAGCACAACTCATGTACAAAATGGGCGAAAATCTGTAGC   1140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1156 TGCGATGCCAACGGACGAGCAGAGCACAACTCATGTACAAAATGGGCGAAAATCTGTAGC   1215

Qy    1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCTCGTTGTGTGTGTCAAGAGACCACTGCCCACC   1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCTCGTTGTGTGTGTCAAGAGACCACTGCCCACC   1275

Qy    1201 TGCAACCCAGGCGTTCTTCAAAAACCACACAGCACACTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC   1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1276 TGCAACCCAGGCGTTCTTCAAAAACCACACAGCACACTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC   1335

Qy    1261 TACTCCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGAACCTGCTGTGGGATTTT   1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1336 TACTCCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGAACCTGCTGTGGGATTTT   1395

Qy    1321 GAATACAAATGGTGGAACAGCAGGCTGCCCACAAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC   1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1396 GAATACAAATGGTGGAACAGCAGGCTGCCCACAAAACATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC   1455

Qy    1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAAGGCTCGGGAGGTGGGCTGTGGGAGATCTTTACACAGCT   1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAAGGCTCGGGAGGTGGGCTGTGGGAGATCTTTACACAGCT   1515

Qy    1441 GCTGGAGCCTCAGACAAATGACACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGTGCCAGAGATTTAGACCT   1500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAAGGCTCGGGAGGTGGGCTGTGGGAGATCTTTACACAGCT   1500

Qy    1516 GCTGGAGCCTCAGACAAATGACACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGTGCCAGAGATTTAGACCT   1575
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1516 GCTGGAGCCTCAGACAAATGACACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGTGCCAGAGATTTAGACCT   1575
```

```
Qy    1501 CCGCAGTCGGTCGTGATGGCAGACACAGAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT   1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1576 CCGCAGTCGGTCGTGATGGCAGACACAGAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT   1635

Qy    1561 GAGAACCCCTTCGTTCTTGTTGTGAAGTGTGAGCTCTACTTCATTGTGGTGTGGGTGGGTGAATTCTAGGAC   1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1636 GAGAACCCCTTCGTTCTTGTTGTGAAGTGTGAGCTCTACTTCATTGTGGTGTGGGTGGGTGAATTCTAGGAC   1695

Qy    1621 AACACTCCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTGCCTATACCTACATCATT   1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1696 AACACTCCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTGCCTATACCTACATCATT   1755

Qy    1681 GAGGAGAACACTACCACGACAGTCCACCGTGGGCCTTCCCAGGGACCCACTTTTCATGAGGCA   1740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1756 GAGGAGAACACTACCACGACAGTCCACCGTGGGCCTTCCCAGGGACCCACTTTTCATGAGGCA   1815

Qy    1741 AGCAGGAGGTACACCAAATGACGTTGCCAAGAGTCTACCTCCATCAAATGTCACCAATGTTATG   1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1816 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGAGTCTACTCCATCAAATGTCACCAATGTTATG   1860

Qy    1801 AATGGCGTGGCCCTCCTACTGCCGTCTCCCGTGCCCTAGAAGCCTCTGAATGTGGGGCTCCTCC   1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1876 AATGGCGTGGCCCTCCTACTGCCGTCTCCCGTGCCCTAGAAGCCTCTGAATGTGGGGCTCCTCC   1935

Qy    1861 TGCACCTCTTGTCCTCTGCCTGGTTTACTATATTATTGACCAGAGTTCAGGGTCCAGGCCTGTGCCCTGT   1920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1936 TGCACCTCTTGTCCTCTGCCTGGTTTACTATATTATTGACCAGAGTTCAGGGTCCAGGCCTGTGCCCTGT   1995

Qy    1921 CCCCCTCAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCGTTATGGTTGTCCAGGCCTGTGCCCTGT   1980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTTGTCCAGGCCTGTGCCCTGT   2055

Qy    1981 GGTCCCAGGGACCAAGAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTCCTACACTTACACCTTCTCA   2040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2056 GGTCCAGGGACCAAGAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTCCTACACTTACACCTTCTCA   2115

Qy    2041 CGCAACACTCCAACCAGGAGACTTTCAACTACAACACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT   2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2116 CGCAACACTCCAACCAGGAGACTTTCAACTACAACACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT   2175

Qy    2101 CTTGCCTGGGAGGGCCAAGTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC   2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2176 CTTGCCTGGGAGGGCCAAGTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC   2235

Qy    2161 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAGAAATGTCTGTGTGGCACCGGACGAAGTCACTGACCTC   2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2236 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAGAAATGTCTGTGTGGCACCGGACGAAGTCACTGACCTC   2295

Qy    2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA   2280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA   2355

Qy    2281 GTCATCAATCCCCCAGAGGTTGACAGGCTACAAGGCCGGGGGTTTCCTCACAGCCGTGTCAGC   2340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2356 GTCATCAATCCCCCAGAGGTTGACAGGCTACAAGGCCGGGGGTTTCCTCACAGCCGTGTCAGC   2415

Qy    2341 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGGTTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA   2400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2416 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGGTTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA   2475

Qy    2401 GCTGAACTTTTCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACCTGATCTTCTTTTATAGGGTCC   2460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2476 GCTGAACTTTTCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACCTGATCTTCTTTTATAGGGTCC   2535

Qy    2461 AATGATGTTGACCCAGTCCTTGGGGAGATCAACACCACCATCCCGCCTCAGGTGCAGT   2520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2536 AATGATGTTGACCCAGTCCTTGCAGTTCTGGGAGATCAACACCACCATCCCGCCTCAGGTGCAGT   2595

Qy    2521 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT   2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT   2655

Qy    2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGGCGTGCTTGCCGCGTCTGCTCAGTG   2640
```

APPLICANT: Zhang, Zemin
TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
FILE REFERENCE: P3330R1C251
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/142,431
CURRENT FILING DATE: 2002-05-10
Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
SEQ ID NO 37
LENGTH: 3501
TYPE: DNA
ORGANISM: Homo Sapien
FEATURE:
NAME/KEY: unsure
LOCATION: 2762, 2778
OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-142-431-37

Query Match   99.1%;   Score 3303.4;   DB 9;   Length 3501;
Best Local Similarity   99.6%;   Pred. No. 0;
Matches 3321; Conservative   0; Mismatches   13; Indels   1; Gaps   1;

```
Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCGCCGCAGCCACCTGAGCCGCTACTCGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG   60
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCGCCGCAGCCACCTGAGCCGCTACTCGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG  135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCAATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGAAGAACTGAGAGGCGC  120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCAATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGAAGAACTGAGAGGCGC  195

Qy    121 ATACCCCGGCGTGTGGCCGGCTGGTGCTCTGGGCGGGTGGGGTGACCCAGGTGACCCAGGGA  180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCGTGTGGCCGGCTGCTGCTCTGGGCGGGTGGGGTGACCCAGGTGACCCAGGGA  255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCGTTCACGCCTTGAGTATGACCACTATGAGTACACGGGCGTGT  240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCGTTCATGCCTTGAGTATGACCACTATGAGTACACGGGCGTGT  315

Qy    241 GACAGCACGGGGTTCCCAGGTGGAGGGTGGCCGCGGATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC  300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGGTTCCCAGGTGGAGGGTGCCGCGGATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC  375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTAGCCATGCGGTCGAGGGCGGCAGGG  360
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTTGCTCTCTTCTCCGAAACGCGGGGAGTTTCTG  435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCCGTGAGGGCGGCTACTCCCTCGGCACAGGC  420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCGGCTACTCCCTCGGCACAGGC  495

Qy    421 ATTCGGGTTTGATCAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTTCAGCCAACATG  480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTTCAGCCAACATG  555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACGGGAACTGTACTTCGTTCCAAGTGGGTTCCC  540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GACCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTTCCAAGTGGGTTCCC  615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATTGTACGCCGTC  600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATTGTACGCCGTC  675

Qy    601 AACCTGAGCCAAATCTGGCACCGGTTAACTTCGGAATACTACTATCCAGACTCCAGCGATCATC  660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAGCCAAATCTGGCACCGGTTAACTTCGGAATACTACTATCCAGACTCCAGCGATCATC  735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGCAGATGACTCCAGGTGGATG  720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGCAGATGACTCCAGGTGGATG  795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACACAGTGTGGACTAAATCGACAATAAATGTC  780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACACAGTGTGGACTAAATCGACAATAAATGTC  855
```

RESULT 10
US-10-142-431-37
Sequence 37, Application US/10142431
Publication No. US20030036179A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Baker, Kevin P.
APPLICANT: Beresini, Maureen
APPLICANT: DeForge, Laura
APPLICANT: Desnoyers, Luc
APPLICANT: Filvaroff, Ellen
APPLICANT: Gao, Wei-Qiang
APPLICANT: Gerritsen, Mary E.
APPLICANT: Goddard, Audrey
APPLICANT: Godowski, Paul J.
APPLICANT: Gurney, Austin L.
APPLICANT: Sherwood, Steven
APPLICANT: Smith, Victoria
APPLICANT: Stewart, Timothy A.
APPLICANT: Tumas, Daniel
APPLICANT: Watanabe, Colin K.
APPLICANT: Wood, William

```
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCACTTCCACTTCCTGTGGGAGAAGGCGGCTGCTTGCCGCTGCCTGCAGTG  2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTTGGCTGGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG  2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTTGGCTGGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG  2775

Qy   2701 TGGCGGAGAACCCAAGCTATGTCTGTGGGGCATTTCTGTGGGGCATTTCTGTGCCTGAGCAGAAGAGTCACCATC  2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTGCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC  2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGCACCTGTACTGCCATC  2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGCACCTGTACTGCCATC  2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTTGGAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC  2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTTGGAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC  2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC  2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC  3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGGAGGATGTAGAGGACGACACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC  2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGGAGGATGTAGAGGACGACACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT  3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGGACTCCTGATTTGACTTGACTCAGTGCCG  3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGAGGACTCCTGATTTGACTCAGTGCCG  3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACACTGTGAGAGGCCACTGCCTGCCTCACCT  3119
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACACTGTGAGAGGCCACTGCCTGCCTCACCT  3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGCGGCGATTTGGGGTGCCAGCATCCTG  3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGCGGCGATTTGGGGTGCCAGCATCCTG  3255

Qy   3180 CAACACCACCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGTGCCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC  3239
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCACCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGTGCCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC  3315

Qy   3240 TTTTTTATAGAGTAGTACCCAAACCCTCCTTTCTCGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC  3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTCGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC  3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAA  3334
          ||||||||||||||||||||  |||  ||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTTAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  3410
```

```
Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTTCAGTATGGACCAAAGTTACCCAAGCCTGTGCTGGGTG 915

Qy    841 AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||| |||| | ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db    916 AGAAACAATTGCCATAACAGGGGTGGGCCTACACTTCCCCTGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATCCAGACAGAGAGGGGTCCTCTTTTTCTGCAACTTACCACCACTCTTATTCA 960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAAGGGCTCCTCTTTTTCTGCAACTTTGCCCACCAACTCTTA 1035

Qy    961 AATAAAAGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAAGAGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCCAGCTTGCACAGACAGACAAAGATTATTTCTACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGAGACAGAGACAAACTCATGTACAAATGGGCCAACCGGAAAATCTGTAGC 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGAGACAGAGACACAAACTCATGTACAAATGGGCCAACCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGAGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGGTGTGAAGACCCACCACTGCCCACCC 1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGAGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGGTGTGAAGACCCACTGCCCACC 1275

Qy   1201 TGCAACCCCAGCCTTCTTCAAAACCAACACAGACACTGCCCTGCCCAGCCCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCCAGGCTTCTTCAAAACCAACACTGCCCTGCCCAGCCCCCATATGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAAATGGCTCAGACAGTGTACCCGCCTGCCCTGCGAGGGGACTGAACCTGCTTGTGGGGATTT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAAATGGCTCAGACAGTGTACCCGCCTGCCCTGCGAGGGGACTGAACCTGCTTGTGGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAAATGTGAACACGGCTGCCCACAAACAATGGAAAACGACCGGTTCTCAGTGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAAATGGTGGAAACACGCCTGCCCACAAACAATGGAAAACGACCGTTCTTTTATAGGTCC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAAGGGCATGAACAGGCCATGCAGGCTCGGGAGGTGGGCTGGGATC 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAAGGCATGAACAGGCCATGCAGGCTCGGGAGGTGGGCTGGGATC 1515

Qy   1441 GCTGGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGTACTCACTCTGGTTGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGTACTCACTCTGGTTGTTGTGCCAGGATTTAGACCTGT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGAATGCGAGACACAGAGAAATAAAGAGGTGCCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGAATGCGAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCCTCTGTTCTGTGGAACTGTGAGCGTCTACTCTCAGGTGTGGGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTTCATGGGTGTGGGTGAATTCACATTTGTCTTT 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTGTCCTATACCTACACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTGTCCTATACCTACACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCCA 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCCGTGCCCTAGAAGCCTTCCTAGAAGCCTTCGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCCGTGCCCTAGAAGCCTCTCTGATGTGGGGCTCCTCC 1935
```

```
Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTTACTATATTGACCGAGGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTCGCTGGTTACTATATTGACCGAGGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCCAAGAACAACAAAGATCCACTCTCGTGTCGTACACGATTGCACCTTCTCA 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCCAAGAACAACAAAGATCCACTCTCGTGTCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAAACCAGGACGTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAAACCAGGACGTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGGAGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAAATAATCTCCATCCACTTTACCCTC 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGGAGGGCCCAAGCTTCACTTCCAAAAGGGTTGAAAATAATCTCCATCCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGTGGAAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTTGTCGACCGAGACATGTCACTGACCTC 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGTGGAAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTTGTCGACCGAGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCCACAGCCTACGTCTGCCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCCACAGCCTACGTCTGCCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGGAGGTGACAGGCTACAAGGCTACAGCAGCCTGTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGGTGACAGGCTACAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGGACAACAGAATATGACTCTTCTTTTATAGGTCC 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTTATTGGGGTGGACAACAGAATATGACTCTTCTTTTATAGGTCC 2475

Qy   2401 AATGATGTGACCCAGTCTCTGGAAGTTGCTGCTGCCAGTGCTGCTCAGGTGCAGT 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 AATGATGTGACCCAGTCTCTGGAAGTTGCTGCTGCCAGTGCTGCTCAGGTGCAGT 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCATCCGGCGGGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCATCCGGCGGGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACGTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGGGAAGCTGCTCAGAGAGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACGTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGGGAAGTTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCCACTTCCGTGTGGGAGGAGGCGGCGGCTTGCCGCCCGCTGCCTAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCCACTTCCACTGGGAGTCCCTGCTGCCGCCGCTCTGCACCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATCGTCACCAGCTGTCTGGGATCCAGAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATCGTCACCAGCTGTCTGGGATCCAGAGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGGAGAACCCAAGCTATGTCCTCTGGTGGCCATTTCTCTGCGCGAGAAGTCACCATC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCCATTTCTCTGCGCCTGAGCGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAAACCATAGATTTCTGGGTGAAAAGTGGGCCATCCTGCAGGCACCTGTTGCCATC 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAAACCATAGATTTCTGGCCTGAAAGTGGGCCATCTCTGCAGCACCTGTTACTCCAGTG 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTGGAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTGGAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGCCAGCGAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGCCCAGCGAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGAGCTCATCTTTACCAGCCAAGAA-TCACTC 2999
```

```
RESULT 11
US-10-143-114-37
Sequence 37, Application US/10143114
Publication No. US20030036180A1
GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Baker,Kevin P.
 APPLICANT: Beresini,Maureen
 APPLICANT: DeForge,Laura
 APPLICANT: Desnoyers,Luc
 APPLICANT: Filvaroff,Ellen
 APPLICANT: Gao,Wei-Qiang
 APPLICANT: Gerritsen,Mary E.
 APPLICANT: Goddard,Audrey
 APPLICANT: Godowski,Paul J.
 APPLICANT: Gurney,Austin L.
 APPLICANT: Sherwood,Steven
 APPLICANT: Smith,Victoria
 APPLICANT: Stewart,Timothy A.
 APPLICANT: Tumas,Daniel
 APPLICANT: Watanabe,Colin K
 APPLICANT: Wood,William
 APPLICANT: Zhang,Zemin
 TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
 TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
 FILE REFERENCE: P3330R1C211
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/143,114
 CURRENT FILING DATE: 2002-05-09
 PRIOR APPLICATION: Application removed - See Palm or File Wrapper
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
SEQ ID NO 37
 LENGTH: 3501
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Homo Sapien
 FEATURE:
 NAME/KEY: unsure
 LOCATION: 2762, 2778
 OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-143-114-37

Query Match      99.18%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
Best Local Similarity   99.68%;  Pred No. 0;
Matches 3321;  Conservative  0;  Mismatches  13;  Indels  1;  Gaps  1;
```

Qy   1 GCAGAAGCAGCCAGCCGGCAGCCACCTGAGCCGCTACTCCCGCGTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGGCGATGGCCAACGGAGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCGTAGC 1215

Db   76 GCAGAAGCAGCAGCCGGCAGCCACCTGAGCCGCTACTCCCGCGTCACTCAGGACAACGCTATG 135
Qy   61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCGCACGAGTCAGGGAAGAGAACTGAGAGGCGC 120
Db   136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCGCACGAGTCAGGGAAGAGAACTGAGAGGCGC 195
Qy   121 ATACCCCGGCGTGTGGGGCGGTGGGCGGCTGCTCTCTGGGCGTGGGACCCGCCTTCCAGGTGA 180
Db   196 ATACCCCGGCGTGTGGGGCGGTGGGCGGCTGCTCTCTGGGCGTGGGACCCGCCTTCCAGGTGA 255
Qy   181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCGTCGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
Db   256 ACGGGACCGGAGCTTCACGCGTCGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315
Qy   301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGACCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAAGCCCGGGGGAGTTTCTG 360
Db   316 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGACCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAAGCCCGGGGGAGTTTCTG 375
Qy   361 GATATGAAGGACCAGTCAATGTAAGCCAATGCGCGTGAGGGCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
Db   376 GATATGAAGGACCAGTCAATGTAAGCCAATGCGCGTGAGGGCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 435
Qy   421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAAGCTGCCCCCAATGGCTTTGCCAGCCTTCAGCCAACATG 480
Db   436 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAAGCTGCCCCCAATGGCTTTGCCAGCCTTCAGCCAACATG 495
Qy   481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
Db   496 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 555
Qy   541 CGGGCGGCGACTACATGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTTACGCCGTC 600
Db   556 CGGGCGGCGACTACATGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTTACGCCGTC 615
Qy   601 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGCATCATC 660
Db   616 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGCATCATC 675
Qy   661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
Db   676 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 735
Qy   721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACGAGTGTGGGGACTCAATAAATGTC 780
Db   736 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACGAGTGTGGGGACTCAATAAATGTC 795
Qy   781 CTCTATTGGGAGAACCACAGCCCTTCGAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTCTGGTG 840
Db   796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACGAGTGTGGGGACTCAATAAATGTC 855
Qy   841 AGAAACATTGCCATAACAGAGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCTGCAAACCTGGC 900
Db   856 CTCTATTGGGAGAACCACAGCCCTTCGAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTCTGGTG 915
Qy   901 ACGTATGCAGACAAGCAAGGGGCTCCTCCTGTTGCAAACTTTGCCACCAACTCTTATTCA 960
Db   916 AGAAACATTGCCATAACAGAGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCTGCAAACCTGGC 975
Qy   961 AATAAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCACAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAGGATCT 1020
Db   976 ACGTATGCAGACAAGCAAGGGGCTCCTCCTGTTGCAAACTTTGCCACCAACTCTTATTCA 1035
Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAGAGATTATTTCTCACACACACACGGCC 1080
Db   1036 AATAAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCACAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAGGATCT 1095
Qy   1081 TGGCATGCCAACGGAGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCGTAGC 1140
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAGAGATTATTTCTCACACACACACGGCC 1155

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3059
Db   3016 GCCATCATGAGGTGGAAGGGCGGAGGAGAGAGACGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075
Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACAGACATGGCCACTGCACTGCCTCACT 3119
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3135
Qy   3120 GCCTCCTCCACCTTGCATAGCAACCTTTGCAAGCACCTTGCGCGGGATTTGGGTGCCAGACATCCTG 3179
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACAGACATGGCCACTGCACTGCCTCACT 3195
Qy   3180 CAACACCCACTGCTGAAAATCTCTCATTGTGGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
Db   3196 GCCTCCTCCACCTTGCATAGCAACCTTTGCAAGCACCTTGCGCGGGATTTGGGTGCCAGACATCCTG 3255
Qy   3240 TTTTTTTTATAGAGTACCCAAACCTCCTTCTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAAATATACCC 3299
Db   3256 CAACACCCACTGCTGAAAATCTCTCATTGTGGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315
Qy   3300 ACACTTGTTTGTAATTAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
Db   3316 TTTTTTTTATAGAGTACCCAAACCTCCTTCTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAAATATACCC 3375
Db   3376 ACAATTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410

```
Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCCAGTCAAAGCTGCCTCCCTCTGGGTGTGAAGACCCACC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCCAGTCAAAGCTGCCTCCCTCTGGGTGTGAAGACCCACC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCACCTGCCAGCCCATATGGTTCC 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCACCTGCCAGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAAATGGCTCAGAACTGTACCCGCTGCCCTGCGAGGGACTGTGTGGGATTT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAAATGGCTCAGAACTGTACCCGCTGCCCTGCGAGGGACTGTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAACAATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGGATC 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAACAATGGAAAACGACCGTTCTCAGTGGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGAGGCGTGGGAGGTGGCTGCTGGTGCTCAGTGCACAGCT 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGAGGCGTGGGAGGTGGCTGCTGGTGCTCAGTGCACAGCT 1515

Qy   1441 GCTCGGAGCCTCAGACAATGACTTCAGTGATTCTCACTCTGGTTGTTGTGCCAGGAGTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGAATTCTCACTCTGGTTGTTGTGCCAGGAGTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCGAGTGCGGTGATGGCAGCACAGCAGGAATAAAGAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCGAGTGCGGTGATGGCAGCACAGCAGGAATAAAGAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCCTCGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGGTGGGTTGGAATTCTAGACC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCGTTCTGTGAACGTGAGCTCTACTTCATGGGTGGGTTGGAATTCTAGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACACATCATT 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGGAGAGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTCCTATACCTACACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCGCTTCCAGAGGACACACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCGCTTCCAGAGGACCACACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAGAGTACACCAATGAGCTTGGCCAAGATCTACTCCATCAAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGAGCTTGCCAAGATCTACTCCATCAAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGGTGGCCTCCTACTGCCGCTCCCGTGCCCTAGAAGCCTCTCATGTGGGCTCCTCC 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGCTCCCGTGCCCTAGAAGCCTCTTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTTCTTGTCCTGCCTGGTTACTATATTGTGACCGAGAACCTGCCCACTCCTGC 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db   1936 TGCACCCTCTTGTCCTGCCTGGTTACTATATTGACCGAGAACCTGCCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGGTTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAAACACAATTCTGAAAGCCCACCACCAGCCTTATGGTTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGGACCAAGAACAACACAGAATCCACTCACTCTCTGTGTACAATGAGTGCACCTTCTCA 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGTACAATGATTGCACCTTCTCACT 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTCAACTACAACTTCTCCGGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTCAACTACAACTTCTCCGGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATATCTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTTGGAAAACAGGGTAGGAGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAAGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCGTTGGAAAACCAGGGTAGGAGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295
```

```
Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGAGGTTGACAGGCTACAAGGCGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGAGGTTGACAGGCTACAAGGCGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTAATTGGGGTGACAACAGAGAATGACTCTGGAATGACTCCCCA 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTAATTGGGGTGACAACAGAGAATGACTCTGGAATGACTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTTATAGGTCC 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCACACCACCATCCCGTCAGGTGCAGT 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCACACCACCATCCCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGAGGGACCTGT 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGAGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGGCTGCAACTTCCACTCCTCGTGTGGGAGGAGGGGCGGCTGCTTGCCGGCTCTGCCATC 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGTGGGAGGAGGGGCGGCTGCTTGCCGGCTCTGCCATC 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATGCTCAGCAGGTCGTGTTGGGAGGGAGCAGGAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATGCTCAGCAGCTGTGTGGGATCCGAGGAGGAGCAGGAGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGGAGAACCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCGAGGAGGTCACCATC 2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCGAGGAGGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAGAAGTGGGCACTCTCGAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAGAAGTGGGCAATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2880
          |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGAAAAAGAATCAAAAAACTAGAGTACAAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGTTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGGAAGAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGCACTCAGTCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGGAAGAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCCTCAGGGAGGCCCAGACAATGGACCTGTCCTGCCTGCCTCACCT 3119
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCCTCAGGGAGGCCCAGACAATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCCACCTTTGCAAGCCTGCCGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCCACCTTTGCAAGCCTGCCGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCAGTGTGGCCTTATCAGATGTTGAAGTTCAGATC 3239
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAAATCTCTTCAGTGTGGCCTTATCAGATGTTGAAGTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTATAGAGTACCCAAAACCCTCCTTTCTGCCTTGCCTCAAAACTGCCAAAATATACCC 3299
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAAACCCTCCTTTCTGCCTTGCCTCAAAACTGCCAAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTGCTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
```

```
Db     3376 ACATTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
            ||| ||| |||||   |||||||||||||||||
```

RESULT 12

US-10-140-002-37

; Sequence 37, Application US/10140002
; Publication No. US20030037623A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Baker,Kevin P.
; APPLICANT: Beresini,Maureen
; APPLICANT: DeForge,Laura
; APPLICANT: Desnoyers,Luc
; APPLICANT: Filvaroff,Ellen
; APPLICANT: Gao,Wei-Qiang
; APPLICANT: Gerritsen,Mary E.
; APPLICANT: Goddard,Audrey
; APPLICANT: Godowski,Paul J.
; APPLICANT: Gurney,Austin L.
; APPLICANT: Sherwood,Steven
; APPLICANT: Smith,Victoria
; APPLICANT: Stewart,Timothy A.
; APPLICANT: Tumas,Daniel
; APPLICANT: Watanabe,Colin K
; APPLICANT: Wood,William
; APPLICANT: Zhang, Zemin
; TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
; TITLE OF INVENTION: ACIDS ENCODING THE SAME
; FILE REFERENCE: P3330R1C59
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/140,002
; CURRENT FILING DATE: 2002-05-06
; Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
; LENGTH: 3501
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo Sapien
; FEATURE:
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: 2762, 2778
; OTHER INFORMATION: unknown base

US-10-140-002-37

Query Match   99.1%; Score 3303.4; DB 9; Length 3501;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 3321; Conservative 0; Mismatches 13; Indels 1; Gaps 1;
```

```
Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCCAGCACCTGAGCCGCCTACTCCGCGTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCCAGCACCTGAGCCGCCTACTCCGCGTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCCAGAGTCAGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCGTGTGGGCGGGCGTGCTCGGGACCCGCCCTTCCAGTGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCGTGTGGGCGGGCGTGCTCGGGACCCGCCCTTCCAGTGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACACGACGCGGTTCCAGGTGGAGGGTTCGCGCGCCATACCCCGGGGCGCCTGTTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACACGACGCGGTTCCAGGTGGAGGGTTCGCGCGCCATACCCCGGGGCGCCTGTTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCGTCTTCCTTCTCTGCGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          |||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCCAGTGCTCCTTCTTCTCTGCAACGCCCGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGAGGACCAGTCATGTGTAAGCCATGCGCCTGAGGGCCGGCTACTCCCTCGGGCCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGAGGACCAGTCATGTGTAAGCCATGCGCCTGAGGGCCGGCTACTCCCTCGGGCCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAAATGCACACACACTGATGTAGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAAATGCACACACACTGATGTAGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATTACTATCCAGACTTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATTACTATCCAGACTTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCGCCCAATGCAGATGACTCCAGGATG 720
          ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCGCCCAATGCAGATGACTCCAGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGACTAAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGACTAAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACAGTACCCAAGCCGTGTGGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACAGTACCCAAGCCGTGTGGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAAATGCTTCCCTGCAAACCTGGC 900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAAATGCTTCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCAAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCAAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCCTGTAACGTCCGCCCAGCTTGCACAGACAAAAGAATATATTTTCTACACACACGCGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCCTGTAACGTCCGCCCAGCTTGCACAGACAAAAGAATATATTTTCTACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGGCAGTGAAGGTGCCTGCCTCTGGTGTGTTGAAGAGACCCACTGCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGGCAGTGAAGGTGCCTGCCTCTGGTGTGTTGAAGAGACCCACTGCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTTCAAAACCAACAACACACAGCCACCTGCCACCCCATATGGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTTCAAAACCAACAACACACAGCCACCTGCCACCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTCGCAGGGACTGAACCTCGTGTGGGATTT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTCGCAGGGACTGAACCTCGTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATAGCAAATAGGTGGAACACGGCTGCCCACAAAACATGGAAAAGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATAGCAAATGGTGGAACACGGCTGCCCACAAAACATGGAAAAGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGTGGAGTGGGGCTGGTGGAGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGTGGAGTGGGGCTGGTGGAGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTTCAGACAAATGACTTCATGATTCTCACTCGGTTGTTGTGCCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTTCAGACAAATGACTTCATGATTCTCACTCGGTTGTTGTGCCCAGGATTTAGACCT 1575
```

```
Qy   1501 CCGCAGTCCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTTCTGAACTGTGAGTGTGAGCTCTACTTCATTCATTGGAATTCAGGACC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTTCTGAACTGTGAGCTCTACTTCATTGGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTCGTGGAGACGGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAAACAGTTCTTATACCTACATCATT 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTCGTGGGAGACGGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTTCTTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCCACACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCCACTTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCACTCCATCAATGTCACCAAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCGTCCCTAGAAGCCTCTGATTGTGGGGCTCCTCC 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCGTCCCTAGAAGCCTCTGATTGTGGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCTCCTGGTTACTATATTGTCACCGAGACCTGCCACTCCTGC 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCTCCTGGTTACTATATTGTCACGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCTAACACAATTCTGAAAGGCCCACCCAGCCCTTATGGTCCAGGCCTGTGTGTGCCCTGT 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCACAGCCTTATGGTGTGTCCACCCAAATGTTATG 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAGAACAACAAGATCCACTCTCTCTGTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAGAACAACAAGATCCACTCTCTTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACACAGGACATTCAACTACACTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACACAGGACATTCAACTACAACTCTCCGCTTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCCTGGGAGGGCCAAGGTGGAGGGTAGGAAAAATGTCTGTCTGTGTGACCGACAAATACTTCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCCTGGGAGGGCCAAGGCTCAGTTCCACTGGGAAATACTTCACTTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTCTGTGTGACCGACACAATAGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTCTGTGTGACCGACACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTCGAGGGTGAGTCAGGGGTTCTCCAAAAATCTATCACAGCCTTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGGAGGGTGACAGGCTACAAGGCGGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGGTGACAGGCTACAAGGCGGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAACTCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAACTCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACCGTGATCTTTCTTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACCGTGATCTTTCTTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCAGTCCTGCAGTTCTCGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTTGCAGT 2595

Qy   2521 CCAGAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCAGGAACGTGTCGCAGGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGGATGGGACCTGT 2655
```

```
Qy   2581 GATGGCTGCCAACTTCCACTTCCCTGTGTGGGAGGAGGGG 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCCAACTTCCACTTCCCTGTGTGGGAGGAGGGG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCGTCGGGAGAGGCGGGGCCTCGCCAGTACTTACGTG 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATCGTATCGTCAGCAGCGTCGGGAGAGGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGTCACTATGTCTCTGGTGGCCATTTCTCTCTGCCGTGAGCAGAGCATC 2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGTCCTGGTGGCCATTTCTCTCTGCCTGAGCAGAGCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAAACCATAGAATTTCTGGGTCTGAAAGTGGGCCATTCTCTCTGCCTGCAGCACCTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAAACCATAGAATTTCTGGGTCTGAAAGTGGGCCATTCTCTCTGCCTGCAGCACCTGC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCCTGCTACCTTTTGGAAAAGAAATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCCTGCTACTTTTGGAAAAGAAATCAAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGGACTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGGACTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTGAGAGGACGACTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTGAGAGGACGACTTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAGGATCAAATCANTTACCTCCAAGAGGACTCCTTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAGGATCAAAATCANTTACCTCCAAGAGGACTCCTTGATGGATTTGACTCAGTGGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCCACTCGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCCACTCGCCTGCCTCACT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCAATAGCACACCTTTGCAAAGCCGATTTGGGTGCCAGCAGATCCTG 3179
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCAATAGCACACCTTTGCAAAGCCGATTTGGGTGCCAGCAGATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC 3239
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCCTCAAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCCTCAAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTCTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| ||||||||||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (10)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (25)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (26)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (600)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
US-09-925-299-209

Query Match   16.58;   Score 551; DB 9;   Length 625;
Best Local Similarity   97.1%;   Pred. No. 1.2e-153;
Matches 596; Conservative   5; Mismatches   8;   Indels   5;   Gaps   4;

```
Qy  2050 CCAACCAGGACTTTCAACTACAAACTTCTCCCGCTTT-GGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 2108
          ||||||   | |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db    15 CCAACCTTCANNTTCAACTACAAACTTCTCCCGCTTTGGGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 74

Qy  2109 AGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTTACCCTCAGTCTCTG 2168
          ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    75 AGG--CAAGCTTCA-TTCCAAAGGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTTACCCTCAGTCTCTG 131

Qy  2169 TGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTCCGGAATTCC 2228
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   132 TGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 191

Qy  2229 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 2288
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 251

Qy  2289 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGCGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGGCCTTGCTGA 2348
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   252 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGGCCTTGCTGA 311

Qy  2349 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGGAAATACCGGAACT 2408
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   312 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGGAAATACCGGAACT 371

Qy  2409 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAAATGATGT 2468
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   372 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAAATGATGT 431

Qy  2469 GACCCAGTCCTGCAGTTGTGGGAGGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 2528
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   432 GACCCAGTCCTGCAGTTGTGGGAGGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 491

Qy  2529 AACTGTCCCTGGAAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAACGTGCTCAGGAAGGACCTGTTGATGGCTG 2588
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||
Db   492 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGGAAGGACCTGTTGATGGCTG 551

Qy  2589 CAACTTCACTTCCTTGTGTGGGAGAGCGGGGCTGCTTGCCCGCGCTCTGCTTGCTCAGTGGCTGACTA 2648
          |||||||||||||||:|| :|:||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   552 CAACTTCACTTCCTTGTGTGGGAAAMG-SGSTGSTTGCCCGCGCTCTGCTTGCTCANTGGCTGACTA 610

Qy  2649 CCATGCTATCGTCA 2662
          |||||||||||||||
Db   611 CCATGCTATCGTCA 624
```

RESULT 14
US-09-925-299-209
; Sequence 209, Application US/09925299
; Patent No. US2002005527A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Rosen et al.

; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acids, Proteins and Antibodies
; FILE REFERENCE: PA102
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/925,299
; CURRENT FILING DATE: 2001-08-10
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/05883
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-08
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,270
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-12
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1556
; SOFTWARE: Patentin Ver. 2.0
;
; SEQ ID NO 209
; LENGTH: 625
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (10)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (25)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (26)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (600)
; OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
US-09-925-299-209

Query Match   16.58;   Score 551; DB 10;   Length 625;
Best Local Similarity   97.1%;   Pred. No. 1.2e-153;
Matches 596; Conservative   5; Mismatches   8;   Indels   5;   Gaps   4;

```
Qy  2050 CCAACCAGGACTTTCAACTACAAACTTCTCCCGCTTT-GGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 2108
          ||||||   | |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db    15 CCAACCTTCANNTTCAACTACAAACTTCTCCCGCTTTGGGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 74

Qy  2109 AGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTTACCCTCAGTCTCTG 2168
          ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    75 AGG--CAAGCTTCA-TTCCAAAGGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTTACCCTCAGTCTCTG 131

Qy  2169 TGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTCCGGAATTCC 2228
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   132 TGGAAACCAGGGTAGGAAAAATGTCTGTGTGCACCGACAAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 191

Qy  2229 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 2288
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 251

Qy  2289 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGCGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGGCCTTGCTGA 2348
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   252 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAAGGCCGGGGGTTCCTCACAGCCTGTCAGGCCTTGCTGA 311

Qy  2349 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGGAAATACCGGAACT 2408
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   312 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGGAAATACCGGAACT 371

Qy  2409 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAAATGATGT 2468
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   372 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATAACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAAATGATGT 431

Qy  2469 GACCCAGTCCTGCAGTTGTGGGAGGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 2528
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   432 GACCCAGTCCTGCAGTTGTGGGAGGATCAAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 491

Qy  2529 AACTGTCCCTGGAAAGTTTGCTGCTGCCAGGAAACGTGCTCAGGAAGGACCTGTTGATGGCTG 2588
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||
Db   492 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGGAAGGACCTGTTGATGGCTG 551

Qy  2589 CAACTTCACTTCCTTGTGTGGGAGAGCGGGGCTGCTTGCCCGCGCTCTGCTTGCTCAGTGGCTGACTA 2648
```

```
Db    552  CAACTTCCACTTCCTGTGGGAAAAAG-SGSTGSTTGCCGCTTCTGCTTCANTGGCTGACTA 610
           |||||||||||||||||||||||||| | :|  :|::|||||||||||||||| |||||||||
Qy   2649  CCATGGCTATCGTCA 2662
           ||||||||||||||
Db    611  CCATGGCTATCGTCA 624
```

RESULT 15
US-10-002-050-19
Sequence 19, Application US/10002050
Publication No. US20030032095A1
GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Shimkets, Richard
; APPLICANT: Fernandes, Elma
; APPLICANT: Vernet, Corine
; APPLICANT: Yang, Meijia
; APPLICANT: Boldog, Ferenc
; APPLICANT: Herrmann, John
; TITLE OF INVENTION: No. US20030032095A1el Nucleic Acid Sequences Encoding Human Semap
; FILE REFERENCE: 15966-554 Cura-54 CON-S14
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/002,050
; CURRENT FILING DATE: 2001-11-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/604,286
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-22
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/140,584
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-23
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 49
; SOFTWARE: Patentin Ver. 2.0
; SEQ ID NO 19
; LENGTH: 1737
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (296)..(1687)
; NAME/KEY: variation
; LOCATION: (1)..(1737)
; OTHER INFORMATION: N may be any nucleotide
US-10-002-050-19

Query Match   16.1%;   Score 537.6;   DB 9;   Length 1737;
Best Local Similarity   62.0%;   Pred. No. 2.3e-149;
Matches   957;   Conservative   0;   Mismatches 569;   Indels 18;   Gaps 6;
```

```
Qy   214  GAGTACCACTATGAGTACACGGCGGTGTCGACGCACGGTTCCAGGGTCGCCGTG 273
          | |||| ||| ||||| |||||  ||| || |  ||||| | || |||| |||
Db   146  GATTATCACTTTGAATATACGGAATGTGATAGCAGTGGCCTCCAGTGTGGAGAGTTGCCATT 205

Qy   274  CCGCATACCCCGGCGGGCGTGTCCACCAGCCTCGACCCCGTCACAGGAGAGTGCCTCC 333
          ||| ||  | || ||| | | |  | |||| ||| | ||| | | ||| |||| |||
Db   206  CCAAATTCTTGCAGTGGAGTCGGTCGCCTCCCGACCACCAGTGAGAGGCAAAAGAATGCACT 265

Qy   334  TTCTCCCTGCAACGCGCGGGGGAGTTTCTGGATATGAAAGGACCAGTCAGTGTAAGCCATGCGCT 393
          ||| ||| | || | |   | | |||| ||||| ||| |  ||| | |||| | ||| |||||
Db   266  TTCTCCCTGTCGCTTCTTGGAGAGTATCTAGAAATGAAGAACCAGGTATTGCACTAAGTGTGGT 325

Qy   394  GAGGGCCGCTACTCCTCCCTCCGGCACAGGCAATTCGGGTTTGATGAGTGGAGCTGCCCCAT 453
          ||| || |  |  |||||  | | |  |||  |||| |||| ||| | | |  || ||| |
Db   326  GAAGGCACCTATTCCTTCGGGGCATCAAAATTTGATGAATTGCCAGTGAATTGCCGGCA 385

Qy   454  GGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATGGAGACTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCA 510
          ||| | ||||| |||  ||| ||| | ||| | |||| || ||  ||| || |||
Db   386  GGATTTCTCAACATCGCAACATTCANTGGACACTGTGGTGGGGCCCTTCTGACACGAGAGGCCA 445

Qy   511  GGGAACTGTPACTTCGTTCCCAAAGTGGGGTTCCCCGGGGGGACTACTACCTTCACACGGAC 570
          ||| ||||  | ||||| ||| ||||| || ||  | |  | |||| |  ||  || || ||
Db   446  GACGGCTGTAACAACATCTTCTTGGATCCCTCGTTGGAAACTACATAGAAATCGTGAT 505

Qy   571  GAATGCACAGCCACACTGATTGTACGCGCGTCAACCTGACCAATCTGGACCGGTTAACTTC 630
          || ||| |  |||| || | |  | |   | |  ||| | | ||   |||| | ||| ||
Db   506  GACTGCACGGTGTCTTTGATCTATGCTGCACCTTAGAAGTCTGCACCTTAAGAAGTGCAACTTT 565
```

```
Qy   631  GAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCACTCATTGAGTTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGC 690
          ||  || ||| || || || |   |  |  ||| || ||| |  | | | |||| ||||||||
Db   566  GAGTACCAGTAGTGTCGACAACAACAGCATCTTCTTTGTAGTTCTTTATTCAAATGATCAGTGC 625

Qy   691  CAGCCCAATGCAGAGATGACTYC---CAGGTGGATGAAGAACCACAGAGAA---AGGAATGGGAA 744
          |||  | || |  |||| | |     ||||||||||| ||||| | ||||     ||| ||
Db   626  CAGGAGGATGGAGCACCACCACTGACAGAAGTGGGGTAAAACTTACAGACAATGGGGC 685

Qy   745  TTCCACAGTGTGGGAGCTAAATCGAGGCAATAAATGTCCTCTATTGGAGAACCAGCCTTC 804
          ||||| || ||| | || ||| | |||||| |  ||| |  || | |||  || || |
Db   686  TCTCATTCTGTAATGCTGAAAATCAGGCACAACAACATACTCTACTGGGAAACTACAGGCATC 745

Qy   805  TCAGTATGGACCAAAAGTACCACAAGCCCTGTGCTTGCTGGTGAGAAACAATTGCCATAAACAGGGGTG 864
          |||||||||| || |||| || |   | |||||| |  || |  ||| || ||||||  | ||| ||
Db   746  CTTATGGGGTTCTAAGGCGGGTCAAGCCTGTTGCTCGGTCGGTAAAAATAATCACACAAATTGAACAGGGTG 805

Qy   865  GCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAAACTGGCCACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCC 924
          || |||| |  |||| | |  |  || |||||| ||  || || | || || ||||  | |
Db   806  GCGTACACATCAGAATGTTTTTCCTTTGCAAGGCCACATTCAGCACAACAAACAGGTTCA 865

Qy   925  TCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCCAACTCTTATTCAAATAAAGGAGAAAACTTCTTGCCAC 984
          ||| | | |||| || || |||| | |  ||  |||| |||  |||||| || | ||| ||
Db   866  TTCAACTGCCAGTGTGTCCCAGAAACACCTATTCTGAGAAAGGACCAAAGAATGTATA 925

Qy   985  CAGTGTGACCCTGACA---AATACTCAGAGAAGGAGATCTTCTTTCCTGTGGCTATTGCTATT 1041
          |||||||| |||| |   |||| || | || || || |||  | | ||||| || |  ||||
Db   926  AGGTGTAAAGACGACTTCAATTTTCAGAGGAAGATCCCAGTGAGTGTGTACAGACGCGCCCT 985

Qy  1042  GCTTGCACAGACAAAAGATTATTTCTACACACACGGCCTTGCGATGCCAACGGAGAGACA 1101
          || | |  ||| |||| || | |  || | || || || ||  | ||  | | |||| |
Db   986  CCCTGTACCACAAAAAGACCTATTTTCCAGAATCCAATCCTCCATGTGATGAAGAGAAAGACA 1045

Qy  1102  CAACTCATGTACAAAAATGGGCCAAGCCGAAAAATCTGTAGGCGAGGACCTTGAGGGGGCCAGTG 1161
          ||| |  |||| || || |  ||| |  ||||| |  |  |  ||| || ||| | ||  ||
Db  1046  CAGATAATGTACAAAGTGTCCCAGAAACACCTATTCTGACAGATCTCACAGATGCTATT 1105

Qy  1162  AAGCTGCCTGCCTCTGGGTGTTGAAGACCCACCTGCCCACCACCACCAGGCTTCTTCAAA 1221
          ||| | || | | | || | | ||| | || || | |  || ||| |||| || | ||
Db  1106  AGATTGCCCCCTTCTCGGAGAAGAGGAATTGTCCGCCGCCTTGCAAACCCTGGATTTTATAAC 1165

Qy  1222  ACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCCTACTCCAATGG---CTCAGAC 1278
          ||| |||| | |  | ||| ||| |||  ||| |||| ||| || ||||    ||||| |
Db  1166  AATGGATCATCTTCTTGCCATCCCTGTCCTCCTGGAACACATTTTCAGATGGACCAAAGAA 1225

Qy  1279  TGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGGCCGGATTTGAATACAAAATGGTGGAAC 1338
          ||| |  | ||| ||| | || || | ||| ||| | ||  | |||  | |||| | ||| ||
Db  1226  TGTAGACCAGTCCAGCAGGAACGAACCGGAGCCTGCACTTGGCTTTGAATAATAAAATGGTGGAAT 1285

Qy  1339  ACGCTGCCCACANAACATGGAAAACGGAGACCGAGCCTGCAACTTCGAGTACACAGGGC 1398
          || |||||  ||   ||| | ||  |||| |  | ||| |||| | || |||| |||||
Db  1286  GTCCTTCCTGGCAACATGAAAAACTCCCTGCTTCGATCATCAAATGTGGGAAGTCGATGGA 1345

Qy  1399  ATGACAGGCTGGGAGGTYGGCTCTGGTGATCAACATTACAGTGCTGCTGAGCCTCAGACAAT 1458
          ||||| ||||||| || | |||| || | | | |  ||| |  |  ||||  ||| | |||
Db  1346  ATGAAATGGTTGGGAGGTTGGCTGGAGATCAATATCCCAGAAGTGGGCTGAGGGTTCTGACAAT 1405

Qy  1459  GACTTCATGATTCTCACTCTGTGTTGTGCCAGGATTTAGACCTCCGCGAGTCGGTGATGGCA 1518
          || | |||| ||  |  || ||| | |||||  | |||| || ||||| |  |||| || |
Db  1406  GATTACCTGATCTTAAACTTGCATATCCCAGATTTAAACCACCACATCTATGACTGGA 1465

Qy  1519  GACACAGAAGAATAAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTGTCTTTGAACATCCTGTCTTCTGTG 1578
          || | |||  | | || || | |  ||| ||||| |  || ||  |||  | || | |  ||
Db  1466  GCCAC---GGGTTCGAACTAGGAAGAATAACATTTGTCTTTGAACCCCTCTTGTTTCAGCT 1522

Qy  1579  AACTGTGAGCTCTACTTCATGTGGGTGTGAATTCAGGGACCAACACTCCTGGGACACG 1638
          || ||| | ||| |  | |||| | | | || ||||  | ||| ||| || || ||
Db  1523  GACTGTGTTTTGTACTTCATGGGATATTAATAGAAAAGTACAAAATGTGTAGAATCG 1582

Qy  1639  TGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACACATCATTGAGGAGACAACCACG 1698
          ||| | | ||  | || |||  | | | ||| ||||| | | || | |||| || |  ||
Db  1583  TGGGGTGGAACCAAAGAAAAAACAAGCTTACACCCATATCATCTTCAAGAATGCAACTTTT 1642

Qy  1699  AGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCCACTTTTCAGTAGGGCAAG 1742
          || || |  ||| || | |||| ||| |||  ||| || ||| || |
Db  1643  ...
```

us-10-046-433-39.rnpb

```
Db     1643  ACATTTACATGGGGCAATCCCAGAGAACTAATTCAGGGTCCAAG 1686
              |   ||  ||||  | |  ||          |||| |  ||||
```

Search completed: March 11, 2003, 09:48:41
Job time : 169 secs